



⑮ **BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT**

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 102 19 203 A 1**

⑤① Int. Cl.⁷:
A 01 H 1/00

⑳ Aktenzeichen: 102 19 203.0
㉒ Anmeldetag: 29. 4. 2002
㉔ Offenlegungstag: 13. 11. 2003

DE 102 19 203 A 1

⑦① **Anmelder:**
BASF Plant Science GmbH, 67065 Ludwigshafen,
DE

⑦② **Erfinder:**
Cirpus, Petra, Dr., 68163 Mannheim, DE; Renz,
Andreas, Dr., 67117 Limburgerhof, DE; Lerchl, Jens,
Dr., Svalös, SE; Kuijpers, Anne-Marie, Dr., 67166
Otterstadt, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

Prüfungsantrag gem. § 44 PatG ist gestellt

⑤④ **Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in Pflanzen**

⑤⑦ Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Fettsäureestern, die ungesättigte Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen enthalten, sowie freien ungesättigten Fettsäuren mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-%, bezogen auf die gesamten in den Pflanzen enthaltenden Fettsäuren durch Expression mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit Δ -6-Desaturaseaktivität codiert, und mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit Δ -6-Elongaseaktivität codiert. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit Δ -5-Desaturaseaktivität codiert, in der transgenen Pflanze exprimiert werden.

Die Erfindung betrifft weiterhin die Verwendung definierter Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit einer Δ -6-Desaturaseaktivität, Δ -6-Elongaseaktivität oder Δ -5-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus einer Gruppe von Nukleinsäuresequenzen bzw. die Verwendung von Nukleinsäurekonstrukten, enthaltend die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen.

DE 102 19 203 A 1

[0001] Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Fettsäureestern, die ungesättigte Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen enthalten, sowie freien ungesättigten Fettsäuren mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten in der Pflanze enthaltenen Fettsäuren durch Expression mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit Δ -6-Desaturaseaktivität codiert, und mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit Δ -6-Elongaseaktivität codiert. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit Δ -5-Desaturaseaktivität codiert, in der transgenen Pflanze exprimiert werden.

[0002] Die Erfindung betrifft weiterhin die Verwendung definierter Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit einer Δ -6-Desaturaseaktivität, Δ -6-Elongaseaktivität oder Δ -5-Desaturaseaktivität codieren ausgewählt aus einer Gruppe von Nukleinsäuresequenzen bzw. die Verwendung von Nukleinsäurekonstrukten enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen.

[0003] Bestimmte Produkte und Nebenprodukte natürlich vorkommender Stoffwechselprozesse in mikrobiellen Zellen oder in den Zellen von Tieren und vorteilhaft Pflanzen sind für ein breites Spektrum an Industrien, einschließlich der Futtermittel-, Nahrungsmittel-, Kosmetik- und pharmazeutischen Industrie, nützlich. Zu diesen gemeinsam als "Feinchemikalien" bezeichneten Molekülen gehören auch Lipide und Fettsäuren, unter denen eine beispielhafte Klasse die mehrfach ungesättigten Fettsäuren sind. Mehrfach ungesättigte Fettsäuren (polyunsaturated fatty acids, PUFAs) werden beispielsweise Nahrungsmittel für Kinder zugegeben, um einen höheren Nährwert dieser Nahrungsmittel zu erzeugen. PUFAs haben zum Beispiel einen positiven Einfluss auf den Cholesterinspiegel im Blut von Menschen und eignen sich daher zum Schutz gegen Herzkrankheiten. Feinchemikalien wie mehrfach ungesättigte Fettsäuren (polyunsaturated fatty acids, PUFAs) lassen sich aus tierischen Quellen, wie beispielsweise Fisch, isolieren oder mit Mikroorganismen durch Züchtung von Mikroorganismen, die so entwickelt worden sind, dass sie große Mengen eines oder mehrerer gewünschter Moleküle produzieren und akkumulieren oder sezernieren, im großen Maßstab herstellen.

[0004] Fettsäuren und Triglyceride haben eine Vielzahl von Anwendungen in der Lebensmittelindustrie, der Tierernährung, der Kosmetik und im Pharmabereich. Je nachdem ob es sich um freie gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren oder um Triglyceride mit einem erhöhten Gehalt an gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren handelt, sind sie für die unterschiedlichsten Anwendungen geeignet. Mehrfach ungesättigte Ω -3-Fettsäuren und Ω -6-Fettsäuren stellen dabei einen wichtigen Bestandteil der tierischen und menschlichen Nahrung dar. Aufgrund der heute üblichen Zusammensetzung der menschlichen Nahrung ist ein Zusatz von mehrfach ungesättigten Ω -3-Fettsäuren, die bevorzugt in Fischölen vorkommen, zur Nahrung besonders wichtig. So werden beispielsweise mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie Docosahexaensäure (= DHA, C22:6^{A4,7,10,13,16,19}) oder Eicosapentaensäure (= EPA, C20:5^{A5,8,11,14,17}) Babynahrung zur Erhöhung des Nährwertes zugesetzt. Der DHA wird dabei ein positiver Effekt auf die Entwicklung des Gehirns zugeschrieben.

[0005] Hauptsächlich werden die verschiedenen Fettsäuren und Triglyceride aus Mikroorganismen wie Mortierella oder aus Ölproduzierenden Pflanzen wie Soja, Raps, Sonnenblume, Algen wie Cryptocodium oder Phaeodactylum und weiteren gewonnen, wobei sie in der Regel in Form ihrer Triacylglyceride (= Triglyceride = Triglycerole) anfallen. Sie können aber auch aus Tieren wie z. B. Fischen gewonnen werden. Die freien Fettsäuren werden vorteilhaft durch Verseifung hergestellt. Höhere mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie DHA, EPA, Arachidonsäure (= ARA, C20:4^{A5,8,11,14}), Dihomo- γ -linolensäure (C20:3^{A8,11,14}) oder Docosapentaensäure (DPA, C22:5^{A7,10,13,16,19}) lassen sich nicht aus Ölfrüchtpflanzen wie Raps, Soja, Sonnenblume, Färberdistel oder anderen isolieren. Übliche natürliche Quellen für diese Fettsäuren sind Fische wie Hering, Lachs, Sardine, Goldbarsch, Aal, Karpfen, Forelle, Heilbutt, Makrele, Zander oder Thunfisch oder Algen.

[0006] Je nach Anwendungszweck sind Öle mit gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren bevorzugt, so sind z. B. in der humanen Ernährung Lipide mit ungesättigten Fettsäuren speziell mehrfach ungesättigten Fettsäuren bevorzugt. Den mehrfach ungesättigten Ω -3-Fettsäuren wird dabei ein positiver Effekt auf den Cholesterinspiegel im Blut und damit auf die Möglichkeit der Prävention einer Herzkrankung zugeschrieben. Durch Zugabe dieser Ω -3-Fettsäuren zu Nahrung kann das Risiko einer Herzkrankung, eines Schlaganfalls oder von Bluthochdruck deutlich verringert werden. Auch entzündliche speziell chronisch entzündliche Prozesse im Rahmen immunologischer Erkrankungen wie rheumatoider Arthritis lassen sich durch Ω -3-Fettsäuren positiv beeinflussen. Sie werden deshalb Lebensmitteln speziell diätischen Lebensmitteln zugegeben oder finden in Medikamenten Anwendung.

[0007] Ω -6-Fettsäuren wie Arachidonsäure haben bei diesen rheumatischen Erkrankungen aufgrund unserer üblichen Nahrungsmittelzusammensetzung eher einen negativen Effekt auf diese Krankheiten.

[0008] Ω -3- und Ω -6-Fettsäuren sind Vorläufer von Gewebshormonen, den sogenannten Eicosanoiden wie den Prostaglandinen, die sich von der Dihomo- γ -linolensäure, der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten, den Thromboxanen und Leukotrienen, die sich von der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten. Eicosanoide (sog. PG₂-Serie), die aus Ω -6-Fettsäuren gebildet werden fördern in der Regel Entzündungsreaktionen, während Eicosanoide (sog. PG₃-Serie) aus Ω -3-Fettsäuren geringe oder keine entzündungsfördernde Wirkung haben.

[0009] Aufgrund ihrer positiven Eigenschaften hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Organismen mit geändertem Gehalt an ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. So wird in WO 91/13972 und seinem US-Äquivalent eine Δ -9-Desaturase beschrieben. In WO 93/11245 wird eine Δ -15-Desaturase in WO 94/11516 wird eine Δ -12-Desaturase beansprucht. Weitere Desaturasen werden beispielsweise in EP-A-0 550 162, WO 94/18337, WO 97/30582, WO 97/21340, WO 95/18222, EP-A-0 794 250, Stukey et al., J. Biol. Chem., 265, 1990: 20144–20149, Wada et al., Nature 347, 1990: 200–203 oder Huang et al., Lipids 34, 1999: 649–659 beschrieben. Die biochemische Charakterisierung der verschiedenen Desaturasen ist jedoch bisher nur unzureichend erfolgt, da die Enzyme als membrangebundene Proteine nur sehr schwer zu isolieren und zu charakterisieren sind (McKeon et al., Methods in Enzymol. 71, 1981: 12141–12147, Wang et al., Plant Physiol. Biochem., 26, 1988: 777–792). In der Regel erfolgt die Charakterisierung membrangebundener Desaturasen durch Einbringung in einen geeigneten Organismus, der anschließend auf En-

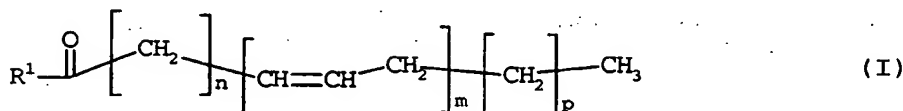
zymaktivität mittels Edukt- und Produktanalyse untersucht wird. Δ -6-Desaturasen werden in WO 93/06712, US 5,614,393, US 5614393, WO 96/21022, WO 00/21557 und WO 99/27111 beschrieben und auch die Anwendung zur Produktion in transgenen Organismen beschrieben wie in WO 98/46763 WO 98/46764, WO 98/46765. Dabei wird auch die Expression verschiedener Desaturasen wie in WO 99/64616 oder WO 98/46776 und Bildung polyungesättigter Fettsäuren beschrieben und beansprucht. Bzgl. der Effektivität der Expression von Desaturasen und ihren Einfluss auf die Bildung polyungesättigter Fettsäuren ist anzumerken, dass durch Expression einer einzelnen Desaturase wie bisher beschrieben lediglich geringe Gehalte an Δ -6-ungesättigten Fettsäuren/Lipiden wie z. B. gamma-Linolensäure und Stearidonsäure erreicht wurden. Weiterhin wurde in der Regel ein Gemisch aus ω 3 und ω 6 Fettsäuren erhalten, da alle bisher beschriebenen Δ -6-Desaturasen zum Beispiel Linolsäure (ω -6-Fettsäure) als auch α -Linolensäure (ω -3-Fettsäure) umsetzten.

[0010] Besonders geeignete Mikroorganismen zur Herstellung von PUFAs sind Mikroorganismen wie Thraustochytrien oder Schizochytrien-Stämme, Algen wie Phaeodactylum tricornutum oder Cryptocodinium-Arten, Ciliaten, wie Stylonychia oder Colpidium, Pilze, wie Mortierella, Entomophthora oder Mucor. Durch Stammselektion ist eine Anzahl von Mutantenstämmen der entsprechenden Mikroorganismen entwickelt worden, die eine Reihe wünschenswerter Verbindungen, einschließlich PUFAs, produzieren. Die Mutation und Selektion von Stämmen mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls wie den mehrfach ungesättigten Fettsäuren ist jedoch ein zeitraubendes und schwieriges Verfahren. Deshalb werden, wenn immer möglich wie oben beschrieben gentechnologische Verfahren bevorzugt. Mit Hilfe der vorgenannten Mikroorganismen lassen sich jedoch nur begrenzte Mengen der gewünschten mehrfach ungesättigten Fettsäuren wie DPA, EPA oder ARA herstellen. Wobei diese in der Regel je nach verwendeten Mikroorganismus als Fettsäuregemische aus beispielsweise EPA, DPA und DHA anfallen.

[0011] Alternativ kann die Produktion von Feinchemikalien geeigneterweise über die Produktion in Pflanzen, die so entwickelt sind, dass sie die vorstehend genannten PUFAs herstellen, im großen Maßstab durchgeführt werden. Besonders gut für diesen Zweck geeignete Pflanzen sind Ölruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten wie Raps, Canola, Lein, Soja, Sonnenblumen, Borretsch und Nachtkerze. Aber auch andere Nutzpflanzen, die Öle oder Lipide und Fettsäuren enthalten, sind gut geeignet, wie in der eingehenden Beschreibung dieser Erfindung erwähnt. Mittels herkömmlicher Züchtung ist eine Reihe von Mutantpflanzen entwickelt worden, die ein Spektrum an wünschenswerten Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen produzieren. Die Selektion neuer Pflanzensorten mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls ist jedoch ein zeitaufwändiges und schwieriges Verfahren oder sogar unmöglich, wenn die Verbindung in der entsprechenden Pflanze nicht natürlich vorkommt, wie im Fall von mehrfach ungesättigten C_{18} -, C_{20} -Fettsäuren und C_{22} -Fettsäuren und solchen mit längeren Kohlenstoffketten.

[0012] Aufgrund der positiven Eigenschaften ungesättigter Fettsäuren hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, diese Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Pflanzen mit einem geänderten Gehalt an mehrfach ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. Bisher konnten jedoch länger-kettige mehrfach ungesättigte C_{20} - und/oder C_{22} -Fettsäuren wie EPA oder ARA nicht in Pflanzen hergestellt werden.

[0013] Es bestand daher die Aufgabe ein Verfahren zur Herstellung von mehrfach ungesättigten Fettsäureestern und/oder freien mehrfach ungesättigten Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül zu entwickeln. Diese Aufgabe wurde durch das erfindungsgemäße Verfahren zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I:



in transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren dadurch gekennzeichnet, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:

- Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in eine Pflanze, die für ein Polypeptid mit einer Δ -6-Desaturaseaktivität codiert; sowie
- Einbringen mindestens einer zweiten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer Δ -6-Elongaseaktivität codiert; und
- gegebenenfalls Einbringen einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer Δ -5-Desaturaseaktivität codiert;
- anschließend kultivieren und Ernten der Pflanzen; und

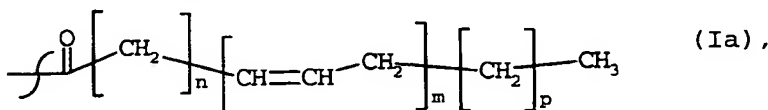
wobei die Variablen und Substituenten in der Formeln I folgende Bedeutung haben:

R^1 = -OH, Coenzym A-(Thioester), Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycosphingolipid- oder einen Rest der folgenden allgemeinen Formel II



R^2 = H, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidyl-

serin-, Phosphatidylinositol-, Shingolipid-, Glycoshingolipid-, Glycoshingolipid- oder gesättigtes oder ungesättigtes C₂-C₂₄-Alkylcarbonyl-,
 R³ = H, gesättigtes oder ungesättigtes C₂-C₂₄-Alkylcarbonyl-, oder
 R² und R³ unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia



n = 3, 4 oder 6, m = 3, 4 oder 5 und p = 0 oder 3, bevorzugt bedeutet n = 3, m = 4 oder 5 und p = 0 oder 3.

[0014] R¹ bezeichnet in den Verbindungen der Formel I -OH (Hydroxyl-), AcetylCoenzym A-, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycoshingolipid- oder einen Rest der folgenden allgemeinen Formel II



[0015] Die vorgenannten Reste für R¹ sind jeweils als Ester bzw. Thioester an die Verbindungen der allgemeinen Formel I gebunden.

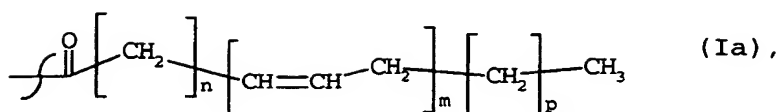
[0016] R² bezeichnet in den Verbindungen der Formel II Wasserstoff, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Shingolipid-, Glycoshingolipid-, Glycoshingolipid- oder gesättigtes oder ungesättigtes C₂-C₂₄-Alkylcarbonyl-.

[0017] Als ungesättigtes oder gesättigtes C₂-C₂₂-Alkylcarbonyl- seien Reste wie Ethylcarbonyl-, n-Propylcarbonyl-, n-Butylcarbonyl-, n-Pentylcarbonyl-, n-Hexylcarbonyl-, n-Heptylcarbonyl-, n-Octylcarbonyl-, n-Nonylcarbonyl-, n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten können. Bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₀-Alkylcarbonyl-, C₁₁-Alkylcarbonyl-, C₁₂-Alkylcarbonyl-, C₁₃-Alkylcarbonyl-, C₁₄-Alkylcarbonyl-, C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl-, C₂₂-Alkylcarbonyl- oder C₂₄-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Ganz besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₆-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl- oder C₂₂-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Bevorzugt enthalten die genannten Reste zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Besonders bevorzugt enthalten die Reste drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Ganz besonders bevorzugt sind C₁₈-Alkylcarbonylreste, die eine, zwei, drei oder vier Doppelbindungen enthalten, und C₂₀-Alkylcarbonylreste, die drei, vier oder fünf Doppelbindungen enthalten. Alle genannten Reste leiten sich von den entsprechenden Fettsäuren ab.

[0018] R³ bezeichnet in den Verbindungen der Formel II Wasserstoff, gesättigtes oder ungesättigtes C₂-C₂₄-Alkylcarbonyl-.

[0019] Als ungesättigtes oder gesättigtes C₂-C₂₂-Alkylcarbonyl- seien Reste wie Ethylcarbonyl-, n-Propylcarbonyl-, n-Butylcarbonyl-, n-Pentylcarbonyl-, n-Hexylcarbonyl-, n-Heptylcarbonyl-, n-Octylcarbonyl-, n-Nonylcarbonyl-, n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten können. Bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₀-Alkylcarbonyl-, C₁₁-Alkylcarbonyl-, C₁₂-Alkylcarbonyl-, C₁₃-Alkylcarbonyl-, C₁₄-Alkylcarbonyl-, C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl-, C₂₂-Alkylcarbonyl- oder C₂₄-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Ganz besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₆-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl- oder C₂₂-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Bevorzugt enthalten die genannten Reste zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Besonders bevorzugt enthalten die Reste drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Ganz besonders bevorzugt sind C₁₈-Alkylcarbonylreste, die eine, zwei, drei oder vier Doppelbindungen enthalten, und C₂₀-Alkylcarbonylreste, die drei, vier oder fünf Doppelbindungen enthalten. Alle genannten Reste leiten sich von den entsprechenden Fettsäuren ab.

[0020] R² und R³ bezeichnen weiterhin in den Verbindungen der Formel II unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia



wobei $n = 3, 4$ oder 6 , $m = 3, 4$ oder 5 und $p = 0$ oder 3 bedeutet, bevorzugt bedeutet $n = 3$, $m = 4$ oder 5 und $p = 0$ oder 3 .

[0021] Die vorgenannten Reste R^1 , R^2 und R^3 können auch Substituenten wie Hydroxyl- oder Epoxigruppen tragen oder auch Dreifachbindungen enthalten.

[0022] Bei den im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen handelt es sich um isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -5-, Δ -6-Desaturase- oder Δ -6-Elongaseaktivität codieren.

[0023] Die im Verfahren hergestellten Verbindungen der Formel I enthalten vorteilhaft eine Mischung aus unterschiedlichen Resten R^1 , R^2 oder R^3 , die sich von unterschiedlichen Glyceriden ableiten lassen. Weiterhin lassen sich die vorgenannten Reste von verschiedenen Fettsäuren wie kurzkettigen Fettsäuren mit 4 bis 6 C-Atomen, mittelkettigen Fettsäuren mit 8 bis 12 C-Atomen oder langkettigen Fettsäuren mit 14 bis 24 C-Atomen ableiten, bevorzugt sind die langkettigen Fettsäuren.

[0024] Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Fettsäureester (= Verbindungen der Formel I) mit mehrfach ungesättigten C_{18} -, C_{20} - und/oder C_{22} -Fettsäuremolekülen mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäureester hergestellt. Bevorzugt enthalten diese Fettsäuremoleküle drei, vier oder fünf Doppelbindungen und führen vorteilhaft zur Synthese von γ -Linolensäure (= GLA, $C_{18}:3^{46,9,12}$), Stearidonsäure (= SDA, $C_{18}:4^{46,9,12,15}$), Dihomo- γ -Linolensäure (= DGLA, $20:3^{48,11,14}$), Eicosatetraensäure (= ETA, $C_{20}:4^{45,8,11,14}$), Arachidonsäure (ARA), Eicosapentaensäure (EPA) oder deren Mischungen, bevorzugt EPA und/oder ARA.

[0025] Die Fettsäureester mit mehrfach ungesättigten C_{18} -, C_{20} - und/oder C_{22} -Fettsäuremolekülen können aus den Organismen, die für die Herstellung der Fettsäureester verwendet wurden, in Form eines Öls oder Lipids beispielsweise in Form von Verbindungen wie Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide wie Glycosphingolipid, Phospholipide wie Phosphatidylethanolamin, Phosphatidylcholin, Phosphatidylserin, Phosphatidylglycerol, Phosphatidylinositol oder Diphosphatidylglycerol, Monoacylglyceride, Diacylglyceride, Triacylglyceride oder sonstige Fettsäureester wie die AcetylCoenzymA-Ester, die die mehrfach ungesättigten Fettsäuren mit mindestens zwei bevorzugt drei Doppelbindungen enthalten, isoliert werden. Neben diesen Estern sind die mehrfach ungesättigten Fettsäuren auch als freie Fettsäuren oder gebunden in anderen Verbindungen in den Pflanzen enthalten. In der Regel liegen die verschiedenen vorgenannten Verbindungen (Fettsäureester und frei Fettsäuren) in der Pflanze in einer ungefähren Verteilung von 80 bis 90 Gew.-% Triglyceride, 2 bis 5 Gew.-% Diglyceride, 5 bis 10 Gew.-% Monoglyceride, 1 bis 5 Gew.-% freie Fettsäuren, 2 bis 8 Gew.-% Phospholipide vor, wobei sich die Summe der verschiedenen Verbindungen zu 100 Gew.-% ergänzt.

[0026] Im erfindungsgemäßen Verfahren werden die Verbindungen der allgemeinen Formel I mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-%, vorteilhaft von mindestens 2 Gew.-%, bevorzugt von mindestens 3 Gew.-%; besonders bevorzugt von mindestens 5 Gew.-%, ganz besonders bevorzugt von mindestens 10 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren in der transgenen Pflanze hergestellt. Da im erfindungsgemäßen Verfahren von den Ausgangsverbindungen Linolsäure ($C_{18}:2$) bzw. Linolensäure ($C_{18}:3$) mehrere Reaktionsschritte durchlaufen werden, fallen die Endprodukte des Verfahrens wie beispielsweise Arachidonsäure (ARA) oder Eicosapentaensäure (EPA) nicht als Reinprodukte an, es sind immer auch geringe Spuren der Vorstufen im Endprodukt enthalten. Sind in der Ausgangspflanze sowohl Linolsäure als auch Linolensäure vorhanden, so liegen die Endprodukte wie ARA und EPA als Mischungen vor. Die Vorstufen sollten vorteilhaft nicht mehr als 20 Gew.-%, bevorzugt nicht mehr als 15 Gew.-%, besonders bevorzugt nicht als 10 Gew.-%, ganz besonders bevorzugt nicht mehr als 5 Gew.-% bezogen auf die Menge des jeweilige Endprodukts betragen. Vorteilhaft werden in einer transgenen Pflanze als Endprodukte nur ARA oder nur EPA im erfindungsgemäßen Verfahren gebunden oder als freie Säuren (siehe Verbindungen der allgemeinen Formel I) hergestellt. Werden beide Verbindungen (ARA + EPA) gleichzeitig hergestellt, werden sie vorteilhaft in einem Verhältnis von mindesten 1 : 2 (EPA : ARA), vorteilhaft von mindestens 1 : 3, bevorzugt von 1 : 4, besonders bevorzugt von 1 : 5 hergestellt.

[0027] Als Organismus für die Herstellung im erfindungsgemäßen Verfahren kommen prinzipiell alle Pflanzen wie Moose, Algen, zweikeimblättrige oder einkieimblättrige Pflanzen in Frage. Vorteilhaft werden Organismen im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet, die zu den Öl-produzierenden Organismen gehören, das heißt die für die Herstellung von Ölen verwendet werden, wie Algen wie *Cryptocodinium*, *Phaeodactylum* oder Pflanzen, insbesondere Pflanzen bevorzugt Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Sesam, Calendula, Punic, Nachtkerze, Königskerze, Distel, Wildrosen, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer, Kürbis, Lein, Soja, Pistazien, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss oder Walnuss) oder Feldfrüchte, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa oder Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Calendula, Punic, Nachtkerze, Kürbis, Lein, Soja, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss). Besonders bevorzugt sind $C_{18}:2$ - und/oder $C_{18}:3$ -Fettsäure reiche Pflanzen wie Sonnenblume, Färberdistel, Tabak, Königskerze, Sesam, Baumwolle, Kürbis, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein, Hanf, Distel oder Färberdistel. Ganz besonders bevorzugt sind Pflanzen wie Färberdistel, Sonnenblume, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein oder Hanf.

[0028] Durch die enzymatische Aktivität der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für Polypeptide mit Δ -5-, Δ -6-Desaturase- oder Δ -6-Elongaseaktivität codieren, können unterschiedliche Verbindungen der Formel I hergestellt werden.

[0029] Je nach Auswahl der für das erfindungsgemäße Verfahren verwendeten Pflanze lassen sich Mischungen der verschiedenen Verbindungen der allgemeinen Formel I oder einzelne Verbindungen wie EPA oder ARA in freier oder ge-

bundener Form herstellen. Je nachdem welche Fettsäurezusammensetzung in der Ausgangspflanze vorherrscht (C18:2- oder C18:3-Fettsäuren) entstehen so Verbindungen der allgemeinen Formel I, die sich von C18:2-Fettsäuren ableiten, wie GLA, DGLA oder ARA enthaltende Verbindungen der Formel I oder, die sich von C18:3-Fettsäuren ableiten, wie SDA, ETA oder EPA enthaltende Verbindungen der Formel I. Liegt in der für das Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur Linolsäure (= LA, C18:2^{Δ9,12}) vor, so können als Produkte des Verfahrens nur GLA, DGLA und ARA entstehen, die als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Ist in der im Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur α -Linolensäure (= ALA, C18:3^{Δ9,12,15}) beispielsweise wie in Lein, so können als Produkte des Verfahrens nur SDA, ETA und EPA entstehen, die wie oben beschrieben als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Durch Modifikation der Aktivität der an der Synthese beteiligten Enzyme (Δ -5-, Δ -6-Desaturase und Δ -6-Elongase) bzw. durch Einbringen nur der ersten beiden Gene Δ -6-Desaturase und Δ -6-Elongase der Synthesekette lassen sich gezielt in den vorgenannten Pflanzen nur einzelne Produkte herstellen (siehe Fig. 1). Durch die Aktivität der Δ -6-Desaturase und Δ -6-Elongase entstehen GLA und DGLA bzw. SDA und ETA, je nach Ausgangspflanze und ungesättigter Fettsäure. Bevorzugt entstehen DGLA bzw. ETA oder deren Mischungen. Wird die Δ -5-Desaturase zusätzlich in Pflanze eingebracht, so entstehen zusätzlich ARA oder EPA. Vorteilhaft werden nur ARA oder EPA oder deren Mischungen synthetisiert, abhängig von der in der Pflanze vorliegenden Fettsäure, die als Ausgangssubstanz für die Synthese dient. Da es sich um Biosyntheseketten handelt, liegen die jeweiligen Endprodukte nicht als Reinsubstanzen in den Pflanzen vor. Es sind immer auch geringe Mengen der Vorläuferverbindungen im Endprodukt enthalten. Diese geringen Mengen betragen weniger als 20 Gew.-%, vorteilhaft weniger als 15 Gew.-%, besonders vorteilhaft weniger als 10 Gew.-%, ganz besonders vorteilhaft weniger als 5, 4, 3, 2 oder 1 Gew.-% bezogen auf das Endprodukt DGLA, ETA oder deren Mischungen.

[0030] Im erfindungsgemäßen Verfahren werden sind unter transgenen Pflanzen auch Pflanzenzellen, -gewebe, -organe oder ganze Pflanzen zu verstehen, die zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I angezüchtet werden. Unter Anzucht ist beispielsweise die Kultivierung der transgenen Pflanzenzellen, -gewebe oder -organe auf einem Nährmedium oder der ganzen Pflanze auf bzw. in einem Substrat beispielsweise in Hydrokultur oder auf einem Ackerboden zu verstehen.

[0031] Im erfindungsgemäßen Verfahren können prinzipiell alle Nukleinsäuren verwendet werden, die für Polypeptide mit Δ -5-, Δ -6-Desaturase- oder Δ -6-Elongaseaktivität codieren. Vorteilhaft stammen diese Nukleinsäuren aus Pflanzen wie Algen wie *Isochrysis* oder *Cryptocodinium*, Diatomeen wie *Phaeodactylum*, Moose wie *Physcomitrella*, *Ceratodon* oder höheren Pflanzen wie den *Primulaceae* wie *Aleuritia*, *Calendula stellata*, *Osteospermum spinescens* oder *Osteospermum hyoseroides*, Mikroorganismen wie Pilzen wie *Aspergillus*, *Thraustochytrium*, *Phytophthora*, *Entomophthora*, *Mucor* oder *Mortierella*, Hefen oder Tieren wie *Caenorhabditis*, Insekten oder dem Mensch. Vorteilhaft stammen die Δ -5-, Δ -6-Desaturase- oder Δ -6-Elongasegene aus Pilzen oder aus Pflanzen wie Algen oder Moosen, bevorzugt aus Pflanzen.

[0032] Vorteilhaft wird im erfindungsgemäßen Verfahren eine Nukleinsäuresequenz ausgewählt aus der Gruppe den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 oder deren Derivat oder Homologe, die für Polypeptide codieren, die noch die enzymatische Aktivität besitzen. Diese Sequenzen werden einzeln oder in Kombination in Expressionskonstrukte cloniert, diese Expressionskonstrukte sind in den Sequenzen SEQ ID NO: 33-37 wiedergegeben. Diese Expressionskonstrukte ermöglichen eine optimale Synthese der im erfindungsgemäßen Verfahren produzierten Verbindungen der allgemeinen Formel I.

[0033] Bei einer bevorzugten Ausführungsform umfasst das Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens einer Zelle, die die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen, die für eine Δ -5- oder Δ -6-Desaturase und eine Δ -6-Elongase codieren, enthält, wobei eine Zelle mit den Nukleinsäuresequenz, einem Genkonstrukt oder einem Vektor, welche die Expression der Δ -5-, Δ -6-Desaturase- oder Δ -6-Elongasenukleinsäure allein oder in Kombination herbeiführen, transformiert wird. Bei einer weiteren bevorzugten Ausführungsform umfasst dieses Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens der Feinchemikalie aus der Kultur. Die so hergestellte Zelle ist vorteilhaft eine Zelle einer Ölfruchtpflanze wie beispielsweise Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Soja, Safflower, Hanf, Sonnenblumen oder Borretsch.

[0034] Unter transger Pflanze im Sinne der Erfindung ist zu verstehen, daß die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren nicht an ihrer natürlichen Stelle im Genom eines Organismus sind, dabei können die Nukleinsäuren homolog oder heterolog exprimiert werden.

[0035] Transgen bedeutet aber auch, dass die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an ihrem natürlichen Platz im Genom eines Organismus sind, dass jedoch die Sequenz gegenüber der natürlichen Sequenz verändert wurde und/oder das die Regulationssequenzen, der natürlichen Sequenzen verändert wurden. Bevorzugt ist unter transgen die Expression der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an nicht natürlicher Stelle im Genom zu verstehen, das heißt eine homologe oder bevorzugt heterologe Expression der Nukleinsäuren liegt vor. Bevorzugte transgene Pflanzen sind die Ölfruchtpflanzen.

[0036] Transgene Pflanzen, die die im erfindungsgemäßen Verfahren synthetisierten Verbindungen der Formel I enthalten, können direkt vermarktet werden ohne die synthetisierten Verbindungen zu isolieren. Unter Pflanzen im erfindungsgemäßen Verfahren sind alle Pflanzenteile, Pflanzenorgane wie Blatt, Stiel, Wurzel, Knollen oder Samen oder die gesamte Pflanze zu verstehen. Der Samen umfasst dabei alle Samenteile wie die Samenhüllen, Epidermis- und Samenzellen, Endosperm oder Embryogewebe. Die im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen können aber auch aus den Pflanzen in Form ihrer Öle, Fett, Lipide und/oder freien Fettsäuren isoliert werden. Durch dieses Verfahren hergestellte Verbindungen der Formel I lassen sich durch Ernten der Organismen entweder aus der Kultur, in der sie wachsen, oder vom Feld ernten. Dies kann über Pressen oder Extraktion der Pflanzenteile bevorzugt der Pflanzensamen erfolgen. Dabei können die Öle, Fette, Lipide und/oder freien Fettsäuren durch sogenanntes kalt schlagen oder kalt pressen ohne Zuführung von Wärme durch Pressen gewonnen werden. Damit sich die Pflanzenteile speziell die Samen leichter aufschließen lassen, werden sie vorher zerkleinert, gedämpft oder geröstet. Die so vorbehandelten Samen können anschließend gepresst werden oder mit Lösungsmittel wie warmen Hexan extrahiert werden. Anschließend wird das Lösungsmittel wieder entfernt. Auf diese Weise können mehr als 96% der im Verfahren hergestellten Verbindungen isoliert werden. Anschließend werden die so erhaltenen Produkte weiter bearbeitet, das heißt raffiniert. Dabei werden zunächst

die Pflanzenschleime und Trübstoffe. Die sogenannte Entschleimung kann enzymatisch oder beispielsweise chemisch/physikalisch durch Zugabe von Säure wie Phosphorsäure erfolgen. Anschließend werden die freien Fettsäuren durch Behandlung mit einer Base beispielsweise Natronlauge entfernt. Das erhaltene Produkt wird zur Entfernung der im Produkt verbliebenen Lauge mit Wasser gründlich gewaschen und getrocknet. Um die noch im Produkt enthaltenen Farbstoffe zu entfernen werden die Produkte einer Bleichung mit beispielsweise Bleicherde oder Aktivkohle unterzogen. Zum Schluss wird das Produkt noch beispielsweise mit Wasserdampf noch desodoriert.

[0037] Vorzugsweise sind die durch dieses Verfahren produzierten PUFAs C₁₈- oder C₂₀₋₂₂-Fettsäuremoleküle mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise drei, vier, bei Kombination mit einer weiteren Elongasen und einer Δ -4 Desaturase fünf oder sechs Doppelbindungen. Diese C₁₈- oder C₂₀₋₂₂-Fettsäuremoleküle lassen sich aus dem Organismus in Form eines Öls, Lipids oder einer freien Fettsäure isolieren. Geeignete Organismen sind beispielsweise die vorstehend erwähnten. Bevorzugte Organismen sind transgene Pflanzen.

[0038] Eine erfindungsgemäße Ausführungsform sind Öle, Lipide oder Fettsäuren oder Fraktionen davon, die durch das oben beschriebene Verfahren hergestellt worden sind, besonders bevorzugt Öl, Lipid oder eine Fettsäurezusammensetzung, die PUFAs umfassen und von transgenen Pflanzen herrühren.

[0039] Eine weitere erfindungsgemäße Ausführungsform ist die Verwendung des Öls, Lipids oder der Fettsäurezusammensetzung in Futtermitteln, Nahrungsmitteln, Kosmetika oder Pharmazeutika.

[0040] Unter dem Begriff "Öl" oder "Fett" wird ein Fettsäuregemisch verstanden, das ungesättigte, gesättigte, vorzugsweise veresterte Fettsäure(n) enthält. Bevorzugt ist, dass das Öl oder Fett einen hohen Anteil an ungesättigter, unkonjugierter veresteter Fettsäure(n), insbesondere Linolsäure, γ -Linolensäure, Dihomo- γ -linolensäure, Arachidonsäure, α -Linolensäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure hat. Vorzugsweise ist der Anteil an ungesättigten veresterten Fettsäuren ungefähr 30%, mehr bevorzugt ist ein Anteil von 50%, noch mehr bevorzugt ist ein Anteil von 60%, 70%, 80% oder mehr. Zur Bestimmung kann z. B. der Anteil an Fettsäure nach Überführung der Fettsäuren in die Methylester durch Umesterung gaschromatographisch bestimmt werden. Das Öl oder Fett kann verschiedene andere gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren, z. B. Calendulasäure, Palmitin-, Stearin-, Ölsäure etc., enthalten. Insbesondere kann je nach Ausgangspflanze der Anteil der verschiedenen Fettsäuren in dem Öl oder Fett schwanken.

[0041] Bei den im Verfahren hergestellten Verbindungen der Formel I, die mehrfach ungesättigte Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen enthalten, handelt es sich um Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide, Phospholipide, Monoacylglycerin, Diacylglycerin, Triacylglycerin oder sonstige Fettsäureester.

[0042] Aus den so im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen der allgemeinen Formel I lassen sich die enthaltenden mehrfach ungesättigten Fettsäuren beispielsweise über eine Alkalibehandlung beispielsweise wässrige KOH oder NaOH oder saure Hydrolyse vorteilhaft in Gegenwart eines Alkohols wie Methanol oder Ethanol oder über eine enzymatische Abspaltung freisetzen und isolieren über beispielsweise Phasentrennung und anschließender Ansäuerung über z. B. H₂SO₄. Die Freisetzung der Fettsäuren kann auch direkt ohne die vorhergehend beschriebene Aufarbeitung erfolgen.

[0043] Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren können nach Einbringung in eine Pflanzenzelle bzw. Pflanze entweder auf einem separaten Plasmid liegen oder in das Genom der Wirtszelle integriert sein. Bei Integration in das Genom kann die Integration zufallsgemäß sein oder durch derartige Rekombination erfolgen, dass das native Gen durch die eingebrachte Kopie ersetzt wird, wodurch die Produktion der gewünschten Verbindung durch die Zelle moduliert wird, oder durch Verwendung eines Gens in trans, so dass das Gen mit einer funktionellen Expressionseinheit, welche mindestens eine die Expression eines Gens gewährleistende Sequenz und mindestens eine die Polyadenylierung eines funktionell transkribierten Gens gewährleistende Sequenz enthält, funktionell verbunden ist. Vorteilhaft werden die Nukleinsäuren über Multiexpressionskassetten oder Konstrukte zur multiparallelen samen-spezifischen Expression von Genen in die Pflanzen gebracht.

[0044] Moose und Algen sind die einzigen bekannten Pflanzensysteme, die erhebliche Mengen an mehrfach ungesättigten Fettsäuren, wie Arachidonsäure (ARA) und/oder Eicosapentaensäure (EPA) und/oder Docosahexaensäure (DHA) herstellen. Moose enthalten PUFAs in Membranlipiden während Algen, algenverwandte Organismen und einige Pilze auch nennenswerte Mengen an PUFAs in der Triacylglycerolfraction akkumulieren. Daher eignen sich Nukleinsäuremoleküle, die aus solchen Stämmen isoliert werden, die PUFAs auch in der Triacylglycerolfraction akkumulieren, besonders vorteilhaft für das erfindungsgemäße Verfahren und damit zur Modifikation des Lipid- und PUFA-Produktionssystems in einem Wirt, insbesondere Pflanzen, wie Ölfruchtpflanzen, beispielsweise Raps, Canola, Lein, Hanf, Soja, Sonnenblumen, Borretsch. Sie sind deshalb vorteilhaft im erfindungsgemäßen Verfahren verwendbar.

[0045] Die Herstellung einer Triensäure mit C₁₈-Kohlenstoffkette mithilfe von Desaturasen konnte bisher gezeigt werden. In diesen literaturbekannten Verfahren wurde die Herstellung von γ -Linolensäure beansprucht. Bisher konnte jedoch niemand die Herstellung sehr langkettiger mehrfach ungesättigter Fettsäuren (mit C₂₀- und längerer Kohlenstoffkette sowie von Triensäuren und höher ungesättigten Typen) allein durch modifizierte Pflanzen zeigen.

[0046] Zur Herstellung der erfindungsgemäßen langkettiger PUFAs müssen die mehrfach ungesättigten C₁₈-Fettsäuren zunächst durch die enzymatische Aktivität einer Desaturase zunächst desaturiert und anschließend über eine Elongase um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert werden. Nach einer Elongationsrunde führt diese Enzymaktivität zu C₂₀-Fettsäuren, und nach zwei oder drei Elongationsrunden zu C₂₂- oder C₂₄-Fettsäuren. Die Aktivität der erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Desaturasen und Elongasen führt vorzugsweise zu C₁₈-, C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen, besonders bevorzugt zu C₁₈- und/oder C₂₀-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Molekül. Nachdem eine erste Desaturierung und die die Verlängerung stattgefunden hat, können weitere Desaturierungsschritte wie z. B. eine solche in Δ -5-Position erfolgen. Besonders bevorzugt als Produkte des erfindungsgemäßen Verfahrens sind Arachidonsäure und Eicosapentaensäure. Die C₁₈-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure können durch die erfindungsgemäße enzymatische Aktivität in Form der freien Fettsäure oder in Form der Ester, wie Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide, Phosphoglyceride, Monoacylglycerin, Diacylglycerin oder Triacylglycerin, verlängert werden.

[0047] Unter der Verwendung von Klonierungsvektoren in Pflanzen und bei der Pflanzentransformation, wie denjenigen, die veröffentlicht sind in und dort zitiert sind: Plant Molecular Biology and Biotechnology (CRC Press, Boca Raton, Florida), Kapitel 6/7, S. 71–119 (1993); F. F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, 15–38; B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128–143; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205–225), lassen sich die Nukleinsäuren zur gentechnologischen Veränderung eines breiten Spektrums an Pflanzen verwenden, so dass diese ein besserer oder effizienterer Produzent eines oder mehrerer von Lipiden hergeleiteter Produkte, wie PUFAs, wird. Diese verbesserte Produktion oder Effizienz der Produktion eines von Lipiden hergeleiteten Produktes, wie PUFAs, kann durch direkte

Wirkung der Manipulation oder eine indirekte Wirkung dieser Manipulation hervorgerufen werden.
[0048] Es gibt eine Reihe von Mechanismen, durch die die Veränderung eines erfindungsgemäßen Desaturase-Proteins die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer Feinchemikalie aus einer Ölfruchtpflanze oder einem Mikroorganismus aufgrund eines veränderten Proteins direkt beeinflussen kann. Die Anzahl oder Aktivität des Desaturase-Proteins oder -Gens sowie von Genkombinationen von Desaturasen und Elongasen kann erhöht sein, so dass größere Mengen dieser Verbindungen de novo hergestellt werden, weil den Organismen diese Aktivität und Fähigkeit zur Biosynthese vor dem Einbringen des entsprechenden Gens fehlte. Entsprechendes gilt für die Kombination mit weiteren Desaturasen oder Elongasen oder weiteren Enzymen aus dem Lipidstoffwechsel. Auch die Verwendung verschiedener divergenter, d. h. auf DNA-Sequenzebene unterschiedlicher Sequenzen kann dabei vorteilhaft sein bzw. die Verwendung von Promotoren zur Genexpression, die eine andere zeitliche Genexpression z. B. abhängig vom Reifegrad eines Samens oder Öl-speichernden Gewebes ermöglicht.

[0049] Durch das Einbringen eines Desaturase- und/oder Elongase-Gens oder mehrerer Desaturase- und Elongase-Gene in einen Organismus allein oder in Kombination mit anderen Genen in eine Zelle kann nicht nur den Biosynthesefluss zum Endprodukt erhöhen, sondern auch die entsprechende Triacylglycerin-Zusammensetzung erhöhen oder de novo schaffen. Ebenso kann die Anzahl oder Aktivität anderer Gene, die am Import von Nährstoffen, die zur Biosynthese einer oder mehrerer Feinchemikalien (z. B. Fettsäuren, polaren und neutralen Lipiden) nötig sind, erhöht sein, so dass die Konzentration dieser Vorläufer, Cofaktoren oder Zwischenverbindungen innerhalb der Zellen oder innerhalb des Speicherkompartiments erhöht ist, wodurch die Fähigkeit der Zellen zur Produktion von PUFAs, wie im folgenden beschrieben, weiter gesteigert wird. Fettsäuren und Lipide sind selbst als Feinchemikalien wünschenswert; durch Optimierung der Aktivität oder Erhöhung der Anzahl einer oder mehrerer Desaturasen und/oder Elongasen, die an der Biosynthese dieser Verbindungen beteiligt sind, oder durch Zerstören der Aktivität einer oder mehrerer Desaturasen, die am Abbau dieser Verbindungen beteiligt sind, kann es möglich sein, die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion von Fettsäure- und Lipidmolekülen aus Pflanzen zu steigern.

[0050] Die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten isolierten Nukleinsäuremoleküle codieren für Proteine oder Teile von diesen, wobei die Proteine oder das einzelne Protein oder Teile davon eine Aminosäuresequenz enthält, die ausreichend homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 ist, so dass das Protein oder der Teil davon eine Desaturase- oder Elongase-Aktivität beibehält. Vorzugsweise hat das Protein oder der Teil davon, das/der von dem Nukleinsäuremolekül kodiert wird, seine wesentliche enzymatische Aktivität und die Fähigkeit, am Stoffwechsel von zum Aufbau von Zellmembranen von Pflanzen notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über diese Membranen teilzunehmen. Vorteilhaft ist das von den Nukleinsäuremolekülen kodierte Protein zu mindestens etwa 50%, vorzugsweise mindestens etwa 60% und stärker bevorzugt mindestens etwa 70%, 80% oder 90% und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32. Bevorzugt ist das Protein ein Volllängen-Protein, das im wesentlichen in Teilen homolog zu einer gesamten Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 (die von dem in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten offenen Leserahmen herrührt) ist. Im Sinne der Erfindung ist unter Homologie oder homolog, Identität oder identisch zu verstehen.

[0051] Unter wesentlicher enzymatischer Aktivität der verwendeten Desaturasen und der Elongase ist zu verstehen, dass sie gegenüber den durch die Sequenzen mit SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 codierten Proteinen/Enzymen im Vergleich noch mindestens eine enzymatische Aktivität von mindestens 10%, bevorzugt 20%, besonders bevorzugt 30% und ganz besonders 40% aufweisen und damit am Stoffwechsel von zum Aufbau von Fettsäuren in einer Pflanzenzelle notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über Membranen teilnehmen können, wobei desaturierte C₁₈- oder C₂₀₋₂₂-Kohlenstoffketten mit Doppelbindungen an mindestens zwei, vorteilhaft drei, vier oder fünf Stellen gemeint ist.

[0052] Vorteilhaft im Verfahren verwendbare Nukleinsäuren stammen aus Pilzen oder Pflanzen wie Algen oder Moosen wie den Gattungen Physcomitrella, Thraustochytrium, Phytophthora, Ceratodon, Isochrysis, Aleurita, Muscarioides, Mortierella, Borago, Phaeodactylum, Cryptocodinium oder aus Nematoden wie Ceanorhabditis, speziell aus den Gattungen und Arten Physcomitrella patens, Phytophthora infestans, Ceratodon purpureus, Isochrysis galbana, Aleurita farinosa, Muscarioides viallii, Mortierella alpina, Borago officinalis, Phaeodactylum tricormutum oder Ceanorhabditis elegans.

[0053] Alternativ können die verwendeten isolierten Nukleotidsequenzen für Desaturasen oder Elongasen codieren, die an eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 hybridisieren, z. B. unter stringenten Bedingungen hybridisieren.

[0054] Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen werden vorteilhaft in einer Expressionskassette, die die Expression der Nukleinsäuren in Pflanzen ermöglicht, eingebracht.

[0055] Vorteilhafte Expressionskassetten werden in SEQ ID NO: 33 bis 37 wiedergegeben. Dabei werden die für die Desaturasen und/oder die Elongasen codierenden Nukleinsäuresequenzen mit einem oder mehreren Regulationssignalen vorteilhafterweise zur Erhöhung der Genexpression funktionell verknüpft. Diese regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Gene und der Proteinexpression ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus

bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert und/oder überexprimiert wird, oder dass es sofort exprimiert und/oder überexprimiert wird. Beispielsweise handelt es sich bei diesen regulatorischen Sequenzen um Sequenzen an die Induktoren oder Repressoren binden und so die Expression der Nukleinsäure regulieren. Zusätzlich zu diesen neuen Regulationssequenzen oder anstelle dieser Sequenzen kann die natürliche Regulation dieser Sequenzen vor den eigentlichen Strukturgenen noch vorhanden sein und gegebenenfalls genetisch verändert worden sein, so dass die natürliche Regulation ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht wurde. Die Expressionskassette (= Expressionskonstrukt = Genkonstrukt) kann aber auch einfacher aufgebaut sein, das heißt es wurden keine zusätzlichen Regulationssignale vor die Nukleinsäuresequenz oder dessen Derivate inseriert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wurde nicht entfernt. Stattdessen wurde die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt und/oder die Genexpression gesteigert wird. Diese veränderten Promotoren können in Form von Teilsequenzen (= Promotor mit Teilen der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen) auch allein vor das natürliche Gen zur Steigerung der Aktivität gebracht werden. Das Genkonstrukt kann außerdem vorteilhafterweise auch eine oder mehrere sogenannte "enhancer Sequenzen" funktionell verknüpft mit dem Promotor enthalten, die eine erhöhte Expression der Nukleinsäuresequenz ermöglichen. Auch am 3'-Ende der DNA-Sequenzen können zusätzliche vorteilhafte Sequenzen inseriert werden wie weitere regulatorische Elemente oder Terminatoren. Die $\Delta 5$ -Desaturase-/ $\Delta 6$ -Desaturase und/oder $\Delta 6$ -Elongase-Gene können in einer oder mehreren Kopien in der Expressionskassette (= Genkonstrukt) enthalten sein. Vorteilhaft liegt nur jeweils eine Kopie der Gene in der Expressionskassette vor. Dieses Genkonstrukt oder die Genkonstrukte können zusammen im Wirtsorganismus exprimiert werden. Dabei kann das Genkonstrukt oder die Genkonstrukte in einem oder mehreren Vektoren inseriert sein und frei in der Zelle vorliegen oder aber im Genom inseriert sein. Es ist vorteilhaft für die Insertion weiterer Gene im Wirtsgenom, wenn die zu exprimierenden Gene zusammen in einem Genkonstrukt vorliegen.

[0056] Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.

[0057] Eine weitere Ausführungsform der Erfindung sind ein oder mehrere Genkonstrukte, die eine oder mehrere Sequenzen enthalten, die durch Seq ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 definiert sind und gem. SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 Polypeptide kodieren. Die genannten Desaturasen führen dabei eine Doppelbindung in $\Delta 5$ oder $\Delta 6$ -Position ein, wobei das Substrat ein, zwei, drei oder vier Doppelbindungen aufweisen. Die Elongase ($\Delta 6$ -Elongase) besitzt eine Enzymaktivität, die eine Fettsäure um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert. Gleiches gilt für ihre Homologen, Derivate oder Analoga, die funktionsfähig mit einem oder mehreren Regulationssignalen, vorteilhafterweise zur Steigerung der Genexpression, verbunden sind.

[0058] Vorteilhafte Regulationssequenzen für das neue Verfahren liegen beispielsweise in Promotoren vor, wie dem *cos*-, *tac*-, *trp*-, *tet*-, *trp-tet*-, *lpp*-, *lac*-, *lpp-lac*-, *lacI^q*-, *T7*-, *T5*-, *T3*-, *gal*-, *trc*-, *ara*-, *SP6*-, λ -*P_R*- oder λ -*P_L*-Promotor und werden vorteilhafterweise in Gram-negativen Bakterien angewendet. Weitere vorteilhafte Regulationssequenzen liegen beispielsweise in den Gram-positiven Promotoren *amy* und *SPO2*, in den Hefe- oder Pilzpromotoren *ADC1*, *MF α* , *AC*, *P-60*, *CYC1*, *GAPDH*, *TEF*, *rp28*, *ADH* oder in den Pflanzenpromotoren *CaMV/35S* [Franck et al., Cell 21 (1980) 285–294], *PRP1* [Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993)], *SSU*, *OCS*, *lib4*, *usp*, *STLS1*, *B33*, *nos* oder im Ubiquitin- oder Phaseolin-Promotor vor. In diesem Zusammenhang vorteilhaft sind ebenfalls induzierbare Promotoren, wie die in EP-A-0 388 186 (Benzylsulfonamid-induzierbar), Plant J. 2, 1992: 397–404 (Gatz et al., Tetracyclin-induzierbar), EP-A-0 335 528 (Abzisinäure-induzierbar) oder WO 93/21334 (Ethanol- oder Cyclohexenol-induzierbar) beschriebenen Promotoren. Weitere geeignete Pflanzenpromotoren sind der Promotor von cytosolischer FBPase oder der ST-LSI-Promotor der Kartoffel (Stockhaus et al., EMBO J. 8, 1989, 2445), der Phosphoribosylpyrophosphatamidotransferase-Promotor aus *Glycine max* (Genbank-Zugangsnr. U87999) oder der in EP-A-0 249 676 beschriebene nodienspezifische Promotor. Besonders vorteilhafte Promotoren sind Promotoren, welche die Expression in Geweben ermöglichen, die an der Fettsäurebiosynthese beteiligt sind. Ganz besonders vorteilhaft sind samenspezifische Promotoren, wie der ausführungsgemäße USP Promotor aber auch andere Promotoren wie der *LeB4*-, *DC3*, *Phaseolin*- oder *Napin*-Promotor. Weitere besonders vorteilhafte Promotoren sind samenspezifische Promotoren, die für monokotyle oder dikotyle Pflanzen verwendet werden können und in US 5,608,152 (*Napin*-Promotor aus *Raps*), WO 98/45461 (*Oleosin*-Promotor aus *Arabidopsis*), US 5,504,200 (*Phaseolin*-Promotor aus *Phaseolus vulgaris*), WO 91/13980 (*Bce4*-Promotor aus *Brassica*) von Baumlein et al., Plant J., 2, 2, 1992: 233–239 (*LeB4*-Promotor aus einer Leguminose) beschrieben sind, wobei sich diese Promotoren für Dikotyledonen eignen. Die folgenden Promotoren eignen sich beispielsweise für Monokotyledonen *lpt-2*- oder *lpt-1*-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230), *Hordein*-Promotor aus Gerste und andere, in WO 99/16890 beschriebene geeignete Promotoren.

[0059] Es ist im Prinzip möglich, alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen, wie die oben genannten, für das neue Verfahren zu verwenden. Es ist ebenfalls möglich und vorteilhaft, zusätzlich oder alleine synthetische Promotoren zu verwenden, besonders wenn sie eine Samen-spezifische Expression vermitteln, wie z. B. beschrieben in WO 99/16890.

[0060] Um einen besonders hohen Gehalt an PUFAs in transgenen Pflanzen zu erzielen, sollten die PUFA-Biosynthesegene vorteilhaft samen-spezifisch in Ölsaaten exprimiert werden. Hierzu können Samen-spezifische Promotoren verwendet werden, bzw. solche Promotoren die im Embryo und/oder im Endosperm aktiv sind. Samen-spezifische Promotoren können prinzipiell sowohl aus dikotyledonen als auch aus monokotyledonen Pflanzen isoliert werden. Im folgenden sind vorteilhafte bevorzugte Promotoren aufgeführt: USP (= unknown seed protein) und *Vicilin* (*Vicia faba*) [Baumlein et al., Mol. Gen. Genet., 1991, 225(3)], *Napin* (*Raps*) [US 5,608,152], *Acyl-Carrier Protein* (*Raps*) [US 5,315,001 und WO 92/18634], *Oleosin* (*Arabidopsis thaliana*) [WO 98/45461 und WO 93/20216], *Phaseolin* (*Phaseolus vulgaris*) [US 5,504,200], *Bce4* [WO 91/13980], *Leguminosen B4* (*LegB4*-Promotor) [Baumlein et al., Plant J., 2, 2, 1992], *Lpt2* und *Lpt1* (Gerste) [WO 95/15389 u. WO 95/23230], Samen-spezifische Promotoren aus Reis, Mais u. Weizen [WO 99/16890], *Amy32b*, *Amy 6-6* und *Aleurain* [US 5,677,474], *Bce4* (*Raps*) [US 5,530,149], *Glycinin* (*Soja*)

[EP 571 741], Phosphoenol-Pyruvatcarboxylase (Soja) [JP 06/62870], ADR12-2 (Soja) [WO 98/08962], Isocitratlyase (Raps) [US 5,689,040] oder β -Amylase (Gerste) [EP 781 849].

[0061] Die Pflanzengenexpression lässt sich auch über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48: 89–108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397–404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

[0062] Um eine stabile Integration der Biosynthesegene in die transgene Pflanze über mehrere Generation sicherzustellen, sollte jede der im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für die Δ -6-Desaturase, die Δ -5-Desaturase oder die Δ -6-Elongase codieren, unter der Kontrolle eines eigenen bevorzugt eines unterschiedlichen Promotors exprimiert werden, da sich wiederholende Sequenzmotive zu Instabilität der T-DNA bzw. zu Rekombinationsereignissen früheren können. Die Expressionskassette ist dabei vorteilhaft so aufgebaut, dass einem Promotor eine geeignete Schnittstelle zur Insertion der zu exprimierenden Nukleinsäure folgt vorteilhaft in einem Polylinker anschließend gegebenenfalls ein Terminator hinter dem Polylinker liegt. Diese Abfolge wiederholt sich mehrfach bevorzugt drei-, vier- oder fünfmal, so dass bis zu fünf Gene in einem Konstrukt zusammengeführt werden und so zur Expression in die transgene Pflanze eingebracht werden können. Vorteilhaft wiederholt sich die Abfolge bis zu dreimal (siehe Sequenzprotokoll SEQ ID NO: 33–37). Die Nukleinsäuresequenzen werden zur Expression über die geeignete Schnittstelle beispielsweise im Polylinker hinter den Promotor inseriert. Vorteilhaft hat jede Nukleinsäuresequenz ihren eigenen Promotor und gegebenenfalls ihren eigenen Terminator. Es ist aber auch möglich mehrere Nukleinsäuresequenzen hinter einem Promotor und ggf. vor einem Terminator zu inserieren. Dabei ist die Insertionsstelle bzw. die Abfolge der inserierten Nukleinsäuren in der Expressionskassette nicht von entscheidender Bedeutung, das heißt eine Nukleinsäuresequenz kann an erster oder letzter Stelle in der Kassette inseriert sein, ohne dass dadurch die Expression wesentlich beeinflusst wird. Es können in der Expressionskassette vorteilhaft unterschiedliche Promotoren wie beispielsweise der USP-, LegB4 oder DC3-Promotor und unterschiedliche Terminatoren verwendet werden. Es ist aber auch möglich nur einen Promotortyp in der Kassette zu verwenden. Dies kann jedoch zu unerwünschten Rekombinationsereignissen führen.

[0063] Wie oben beschrieben sollte die Transkription der eingebrachten Gene vorteilhaft durch geeignete Terminatoren am 3'-Ende der eingebrachten Biosynthesegene (hinter dem Stoppcodon) abgebrochen werden. Verwendet werden kann hier z. B. der OCS1 Terminator. Wie auch für die Promotoren, so sollten hier für jedes Gen unterschiedliche Terminatorsequenzen verwendet werden.

[0064] Das Genkonstrukt kann, wie oben beschrieben, auch weitere Gene umfassen, die in die Organismen eingebracht werden sollen. Es ist möglich und vorteilhaft, in die Wirtsorganismen Regulationsgene, wie Gene für Induktoren, Repressoren oder Enzyme, welche durch ihre Enzymaktivität in die Regulation eines oder mehrerer Gene eines Biosynthesewegs eingreifen, einzubringen und darin zu exprimieren. Diese Gene können heterologen oder homologen Ursprungs sein. Weiterhin können vorteilhaft im Nukleinsäurekonstrukt bzw. Genkonstrukt weitere Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthalten sein oder aber diese Gene können auf einem weiteren oder mehreren weiteren Nukleinsäurekonstrukten liegen. Vorteilhaft werden als Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ein Gen ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenasen, Lipoxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n) oder deren Kombinationen verwendet.

[0065] Dabei können die vorgenannten Desaturasen in Kombination mit Elongasen und anderen Desaturasen in erfindungsgemäßen Expressionskassetten kloniert werden und zur Transformation von Pflanzen mithilfe von Agrobakterium eingesetzt werden.

[0066] Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird. Die Expressionskassetten können prinzipiell direkt zum Einbringen in die Pflanze verwendet werden oder aber in einen Vektoren eingebracht werden.

[0067] Diese vorteilhaften Vektoren, vorzugsweise Expressionsvektoren, enthalten die im Verfahren verwendeten Nukleinsäure, die für Δ -5- oder Δ -6-Desaturen oder Δ -6-Elongasen codieren, oder ein Nukleinsäurekonstrukt, die die verwendeten Nukleinsäure allein oder in Kombination mit weiteren Biosynthesegenen des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels. Wie hier verwendet, betrifft der Begriff "Vektor" ein Nukleinsäuremolekül, das eine andere Nukleinsäure transportieren kann, an welche es gebunden ist. Ein Vektortyp ist ein "Plasmid", was für eine zirkuläre doppelsträngige DNA-Schleife steht, in die zusätzlichen DNA-Segmente ligiert werden können. Ein weiterer Vektortyp ist ein viraler Vektor, wobei zusätzliche DNA-Segmente in das virale Genom ligiert werden können. Bestimmte Vektoren können in einer Wirtszelle, in die sie eingebracht worden sind, autonom replizieren (z. B. Bakterienvektoren mit bakteriellem Replikationsursprung). Andere Vektoren werden vorteilhaft beim Einbringen in die Wirtszelle in das Genom einer Wirtszelle integriert und dadurch zusammen mit dem Wirtsgenom repliziert. Zudem können bestimmte Vektoren die Expression von Genen, mit denen sie funktionsfähig verbunden sind, steuern. Diese Vektoren werden hier als "Expressionsvektoren" bezeichnet. Gewöhnlich haben Expressionsvektoren, die für DNA-Rekombinationstechniken geeignet sind, die Form von Plasmiden. In der vorliegenden Beschreibung können "Plasmid" und "Vektor" austauschbar verwendet werden, da das Plasmid die am häufigsten verwendete Vektorform ist. Die Erfindung soll jedoch diese anderen Expressionsvektorformen, wie virale Vektoren, die ähnliche Funktionen ausüben, umfassen. Ferner soll der Begriff Vektor auch andere Vektoren, die dem Fachmann bekannt sind, wie Phagen, Viren, wie SV40, CMV, TMV, Transposons, IS-Elemente, Phas-mide, Phagemide, Cosmide, lineare oder zirkuläre DNA, umfassen.

[0068] Die im Verfahren vorteilhaft verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren umfassen die die unten be-

schriebenen Nukleinsäuren oder das oben beschriebene Genkonstrukt in einer Form, die sich zur Expression der verwendeten Nukleinsäuren in einer Wirtszelle eignen, was bedeutet, dass die rekombinanten Expressionsvektoren eine oder mehrere Regulationssequenzen, ausgewählt auf der Basis der zur Expression zu verwendenden Wirtszellen, die mit der zu exprimierenden Nukleinsäuresequenz funktionsfähig verbunden sind, umfasst. In einem rekombinanten Expressionsvektor bedeutet "funktionsfähig verbunden", dass die Nukleotidsequenz von Interesse derart an die Regulationssequenz(en) gebunden ist, dass die Expression der Nukleotidsequenz möglich ist und sie aneinander gebunden sind, so dass beide Sequenzen die vorhergesagte, der Sequenz zugeschriebene Funktion erfüllen (z. B. in einem In-vitro-Transkriptions-/Translationssystem oder in einer Wirtszelle, wenn der Vektor in die Wirtszelle eingebracht wird). Der Begriff "Regulationssequenz" soll Promotoren, Enhancer und andere Expressionskontrollelemente (z. B. Polyadenylierungssignale) umfassen. Diese Regulationssequenzen sind z. B. beschrieben in Goeddel: Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990), oder siehe: Gruber und Crosby, in: Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, CRC Press, Boca Raton, Florida, Hrsgb.: Glick und Thompson, Kapitel 7, 89–108, einschließlich der Literaturstellen darin. Regulationssequenzen umfassen solche, welche die konstitutive Expression einer Nukleotidsequenz in vielen Wirtszelltypen steuern, und solche, welche die direkte Expression der Nukleotidsequenz nur in bestimmten Wirtszellen unter bestimmten Bedingungen steuern. Der Fachmann weiß, dass die Gestaltung des Expressionsvektors von Faktoren, wie der Auswahl der zu transformierenden Wirtszelle, dem Ausmaß der Expression des gewünschten Proteins usw., abhängen kann.

[0069] Die verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren können zur Expression von Desaturasen und Elongasen in prokaryotischen oder eukaryotischen Zellen gestaltet sein. Dies ist vorteilhaft, da häufig Zwischenschritte der Vektorkonstruktion der Einfachheit halber in Mikroorganismen durchgeführt werden. Beispielsweise können Desaturase- und/oder Elongase-Gene in bakteriellen Zellen, Insektenzellen (unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren), Hefe- und anderen Pilzzellen (siehe Romanos, M. A., et al. (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", Yeast 8: 423–488; von den Hondel, C. A. M. J. J., et al. (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi", in: More Gene Manipulations in Fungi, J. W. Bennet & L. L. Lasure, Hrsgb., S. 396–428: Academic Press: San Diego; und von den Hondel, C. A. M. J. J., & Punt, P. J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy, J. F., et al., Hrsgb., S. 1–28, Cambridge University Press: Cambridge), Algen (Falcatore et al., 1999; Marine Biotechnology, 1, 3: 239–251), Ciliaten der Typen: Holotrichia, Peritrichia, Spirotrichia, Suctorina, Tetrahymena, Paramecium, Colpidium, Glaucoma, Platyophrya, Potomacus, Desaturaseudocohnilembus, Euplotes, Engelmanniella und Stylonychia, insbesondere der Gattung Stylonychia lemnae, mit Vektoren nach einem Transformationsverfahren, wie beschrieben in WO 98/01572, sowie bevorzugt in Zellen vielzelliger Pflanzen (siehe Schmidt, R. und Willmitzer, L. (1988) "High efficiency Agrobacterium tumefaciens mediated transformation of Arabidopsis thaliana leaf and cotyledon explants" Plant Cell Rep.: 583–586; Plant Molecular Biology and Biotechnology, C Press, Boca Raton, Florida, Kapitel 6/7, S. 71–119 (1993); F. F. White, B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128–43; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205–225 (und darin zitierte Literaturstellen)) exprimiert werden. Geeignete Wirtszellen werden ferner erörtert in Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990). Der rekombinante Expressionsvektor kann alternativ, zum Beispiel unter Verwendung von T7-Promotor-Regulationssequenzen und T7-Polymerase, in vitro transkribiert und translatiert werden.

[0070] Die Expression von Proteinen in Prokaryoten erfolgt meist mit Vektoren, die konstitutive oder induzierbare Promotoren enthalten, welche die Expression von Fusions- oder nicht-Fusionsproteinen steuern. Typische Fusions-Expressionsvektoren sind u. a. pGEX (Pharmacia Biotech Inc. Smith, D. B., und Johnson, K. S. (1988) Gene 67: 31–40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) und pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), bei denen Glutathion-S-Transferase (GST), Maltose E-bindendes Protein bzw. Protein A an das rekombinante Zielprotein fusioniert wird.

[0071] Beispiele für geeignete induzierbare nicht-Fusions-E. coli-Expressionsvektoren sind u. a. pTrc (Amani et al. (1988) Gene 69: 301–315) und pET 11d (Studier et al., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, Kalifornien (1990) 60–89). Die Zielgenexpression vom pTrc-Vektor beruht auf der Transkription durch Wirts-RNA-Polymerase von einem Hybrid-trp-lac-Fusionspromotor. Die Zielgenexpression aus dem pET 11d-Vektor beruht auf der Transkription von einem T7-gn10-lac-Fusions-Promotor, die von einer coexprimierten viralen RNA-Polymerase (T7 gn1) vermittelt wird. Diese virale Polymerase wird von den Wirtsstämmen BL21 (DE3) oder HMS174 (DE3) von einem residenten λ -Prophagen bereitgestellt, der ein T7 gn1-Gen unter der Transkriptionskontrolle des lacUV 5-Promotors birgt.

[0072] Andere in prokaryotischen Organismen geeignete Vektoren sind dem Fachmann bekannt, diese Vektoren sind beispielsweise in E. coli pLG338, pACYC184, die pBR-Reihe, wie pBR322, die pUC-Reihe, wie pUC18 oder pUC19, die M113mp-Reihe, pKC30, pRep4, pHS1, pHS2, pPLc236, pMBL24, pLG200, pUR290, pIN-III¹³-B1, λ gt11 oder pBdCI, in Streptomyces pIJ101, pIJ364, pIJ702 oder pIJ361, in Bacillus pUB110, pC194 oder pBD214, in Corynebacterium pSA77 oder pAJ667.

[0073] Bei einer weiteren Ausführungsform ist der Expressionsvektor ein Hefe-Expressionsvektor. Beispiele für Vektoren zur Expression in der Hefe S. cerevisiae umfassen pYeDesaturase1 (Baldari et al. (1987) Embo J. 6: 229–234); pMFa (Kurjan und Herskowitz (1982) Cell 30: 933–943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) Gene 54: 113–123) sowie pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA). Vektoren und Verfahren zur Konstruktion von Vektoren, die sich zur Verwendung in anderen Pilzen, wie den filamentösen Pilzen, eignen, umfassen diejenigen, die eingehend beschrieben sind in: von den Hondel, C. A. M. J. J., & Punt, P. J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of fungi, J. F. Peberdy et al., Hrsgb., S. 1–28, Cambridge University Press: Cambridge, oder in: More Gene Manipulations in Fungi [J. W. Bennet & L. L. Lasure, Hrsgb., S. 396–428: Academic Press: San Diego]. Weitere geeignete Hefevektoren sind beispielsweise pAG-1, YEpl6, YEpl3 oder pEMBLyc23.

[0074] Alternativ können die Desaturasen und/oder Elongasen in Insektenzellen unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren exprimiert werden. Baculovirus-Vektoren, die zur Expression von Proteinen in gezüchteten Insek-

tenzellen (z. B. Sf9-Zellen) verfügbar sind, umfassen die pAc-Reihe (Smith et al. (1983) Mol. Cell Biol. 3: 2156–2165) und die pVL-Reihe (Lucklow und Summers (1989) Virology 170: 31–39).

[0075] Die oben genannten Vektoren bieten nur einen kleinen Überblick über mögliche geeignete Vektoren. Weitere Plasmide sind dem Fachmann bekannt und sind zum Beispiel beschrieben in: Cloning Vectors (Hrsgb. Pouwels, P. H., et al., Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985, ISBN 0 444 904018). Weitere geeignete Expressionssysteme für prokaryotische und eukaryotische Zellen siehe in den Kapiteln 16 und 17 von Sambrook, J., Fritsch, E. F., und Maniatis, T., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.

[0076] Bei einer weiteren Ausführungsform können des Verfahrens können die Desaturasen und/oder Elongasen in einzelligen Pflanzenzellen (wie Algen), siehe Falciatore et al., 1999, Marine Biotechnology 1 (3): 239–251 und darin zitierte Literaturangaben, und Pflanzenzellen aus höheren Pflanzen (z. B. Spermatophyten, wie Feldfrüchten) exprimiert werden. Beispiele für Pflanzen-Expressionsvektoren umfassen solche, die eingehend beschrieben sind in: Becker, D., Kemper, E., Schell, J., und Masterson, R. (1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", Plant Mol. Biol. 20: 1195–1197; und Bevan, M. W. (1984) "Binary Agrobacterium vectors for plant transformation", Nucl. Acids Res. 12: 8711–8721; Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15–38.

[0077] Eine Pflanzen-Expressions-kassette enthält vorzugsweise Regulationssequenzen, welche die Genexpression in Pflanzenzellen steuern können und funktionsfähig verbunden sind, so dass jede Sequenz ihre Funktion, wie Termination der Transkription, erfüllen kann, beispielsweise Polyadenylierungssignale. Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind diejenigen, die aus Agrobacterium tumefaciens-t-DNA stammen, wie das als Octopinsynthese bekannte Gen 3 des Ti-Plasmids pTiACH5 (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984) 835ff.) oder funktionelle Äquivalente davon, aber auch alle anderen in Pflanzen funktionell aktiven Terminatoren sind geeignet.

[0078] Da die Pflanzenexpression sehr oft nicht auf Transkriptionsebenen beschränkt ist, enthält eine Pflanzen-Expressions-kassette vorzugsweise andere funktionsfähig verbunden Sequenzen, wie Translationsenhancer, beispielsweise die Overdrive-Sequenz, welche die 5'-untranslatierte Leader-Sequenz aus Tabakmosaikvirus, die das Protein/RNA-Verhältnis erhöht, enthält (Gallie et al., 1987, Nucl. Acids Research 15: 8693–8711).

[0079] Die Pflanzenexpression muss wie oben beschrieben funktionsfähig mit einem geeigneten Promotor verbunden sein, der die Genexpression auf rechtzeitige, zell- oder gewebespezifische Weise durchführt. Nutzbare Promotoren sind konstitutive Promotoren (Benfey et al., EMBO J. 8 (1989) 2195–2202), wie diejenigen, die von Pflanzenviren stammen, wie 35S CAMV (Franck et al., Cell 21 (1980) 285–294), 19S CaMV (siehe auch US 5352605 und WO 84/02913) oder Pflanzenpromotoren, wie der in US 4,962,028 beschriebene der kleinen Untereinheit der Rubisco.

[0080] Andere bevorzugte Sequenzen für die Verwendung zur funktionsfähigen Verbindung in Pflanzenexpressionss-Kassetten sind Targeting-Sequenzen, die zur Steuerung des Genproduktes in sein entsprechendes Zellkompartiment notwendig sind (siehe eine Übersicht in Kernode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285–423 und darin zitierte Literaturstellen), beispielsweise in die Vakuole, den Zellkern, alle Arten von Plastiden, wie Amyloplasten, Chloroplasten, Chromoplasten, den extrazellulären Raum, die Mitochondrien, das Endoplasmatische Retikulum, Ölkörper, Peroxisomen und andere Kompartimente von Pflanzenzellen.

[0081] Die Pflanzenexpression lässt sich auch wie oben beschrieben über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48: 89–108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäureinduzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397–404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

[0082] Auch Promotoren, die auf biotische oder abiotische Stressbedingungen reagieren, sind geeignete Promotoren, beispielsweise der pathogeninduzierte PRP1-Gen-Promotor (Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993) 361–366), der hitzeinduzierbare hsp80-Promotor aus Tomate (US 5,187,267), der kälteinduzierbare Alphaamylase-Promotor aus Kartoffel (WO 96/12814) oder der durch Wunden induzierbare pinII-Promotor (EP-A-0 375 091).

[0083] Es sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, welche die Genexpression in Geweben und Organen herbeiführen, in denen die Lipid- und Ölbiosynthese stattfindet, in Samenzellen, wie den Zellen des Endosperms und des sich entwickelnden Embryos. Geeignete Promotoren sind der Napien-Promotor aus Raps (US 5,608,152), der USP-Promotor aus Vicia faba (Baeumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3): 459–67), der Oleosin-Promotor aus Arabidopsis (WO 98/45461), der Phaseolin-Promotor aus Phaseolus vulgaris (US 5,504,200), der Bce4-Promotor aus Brassica (WO 91/13980) oder der Legumin-B4-Promotor (LeB4; Baeumlein et al., 1992, Plant Journal, 2 (2): 233–9) sowie Promotoren, welche die samenspezifische Expression in Monokotyledonen-Pflanzen, wie Mais, Gerste, Weizen, Roggen, Reis usw. herbeiführen. Geeignete beachtenswerte Promotoren sind der lpt2- oder lpt1-Gen-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230) oder die in WO 99/16890 beschriebenen (Promotoren aus dem Gersten-Hordein-Gen, dem Reis-Glutelin-Gen, dem Reis-Oryzin-Gen, dem Reis-Prolamin-Gen, dem Weizen-Gliadin-Gen, Weizen-Glutelin-Gen, dem Mais-Zein-Gen, dem Hafer-Glutelin-Gen, dem Sorghum-Kasirin-Gen, dem Roggen-Secalin-Gen).

[0084] Insbesondere kann die multiparallele Expression der im Verfahren verwendeten Desaturasen und/Elongasen allein oder in Kombination mit anderen Desaturasen oder Elongasen gewünscht sein. Die Einführung solcher Expressionskassetten kann über eine simultane Transformation mehrerer einzelner Expressionskonstrukte erfolgen oder bevorzugt durch Kombination mehrerer Expressionskassetten auf einem Konstrukt. Auch können mehrere Vektoren mit jeweils mehreren Expressionskassetten transformiert und auf die Wirtszelle übertragen werden.

[0085] Ebenfalls besonders geeignet sind Promotoren, welche die plastidenspezifische Expression herbeiführen, da Plastiden das Kompartiment sind, in dem die Vorläufer sowie einige Endprodukte der Lipidbiosynthese synthetisiert werden. Geeignete Promotoren, wie der virale RNA-Polymerase-Promotor, sind beschrieben in WO 95/16783 und WO 97/06250, und der clpP-Promotor aus Arabidopsis, beschrieben in WO 99/46394.

[0086] Vektor-DNA lässt sich in prokaryotische oder eukaryotische Zellen über herkömmliche Transformations- oder Transfektionstechniken einbringen. Die Begriffe "Transformation" und "Transfektion", Konjugation und Transduktion,

wie hier verwendet, sollen eine Vielzahl von im Stand der Technik bekannten Verfahren zum Einbringen fremder Nukleinsäure (z. B. DNA) in eine Wirtszelle, einschließlich Calciumphosphat- oder Calciumchlorid-Copräzipitation, DEAE-Dextran-vermittelte Transfektion, Lipofektion, natürliche Kompetenz, chemisch vermittelter Transfer, Elektroporation oder Teilchenbeschuss, umfassen. Geeignete Verfahren zur Transformation oder Transfektion von Wirtszellen, einschließlich Pflanzenzellen, lassen sich finden in Sambrook et al. (Molecular Cloning: A Laboratory Manual., 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) und anderen Labor-Handbüchern, wie Methods in Molecular Biology, 1995, Bd. 44, Agrobacterium protocols, Hrsgb: Gartland und Davey, Humana Press, Totowa, New Jersey.

[0087] Wirtszellen, die im Prinzip zum Aufnehmen der erfindungsgemäßen Nukleinsäure, des erfindungsgemäßen Genproduktes oder des erfindungsgemäßen Vektors geeignet sind, sind alle prokaryotischen oder eukaryotischen Organismen. Die vorteilhafterweise verwendeten Wirtsorganismen sind Organismen, wie Bakterien, Pilze, Hefen oder Pflanzenzellen vorzugsweise Pflanzen oder Teile davon. Pilze, Hefen oder Pflanzen werden vorzugsweise verwendet, besonders bevorzugt Pflanzen, ganz besonders bevorzugt Pflanzen, wie Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Raps, Nachtkerze, Hanf, Diestel, Erdnuss, Canola, Lein, Soja, Safflor, Sonnenblume, Borretsch, oder Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölplume, Kokosnuss) sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Besonders bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, wie Soja, Erdnuß, Raps, Canola, Lein, Hanf, Nachtkerze, Sonnenblume, Safflor, Bäume (Ölpalme, Kokosnuß).

[0088] Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Nukleinsäuresequenzen verwendet, die für die Polypeptide mit einer Δ -6-Desaturaseaktivität, Δ -6-Elongaseaktivität oder Δ -5-Desaturaseaktivität codierenden, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die aufgrund des degenerierten genetischen Codes durch Rückübersetzung der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäuresequenzen erhalten werden,
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäuresequenzen codieren und mindestens 50% Homologie auf Aminosäureebene aufweisen, ohne daß die enzymatische Wirkung der Polypeptide wesentlich reduziert ist.

[0089] Die oben genannte erfindungsgemäße Nukleinsäure stammt von Organismen, wie Tieren, Ciliaten, Pilzen, Pflanzen wie Algen oder Dinoflagellaten, die PUFAs synthetisieren können.

[0090] Der Begriff "Nukleinsäure(molekül)", wie hier verwendet, umfasst zudem die am 3'- und am 5'-Ende des kodierenden Genbereichs gelegene untranslatierte Sequenz: mindestens 500, bevorzugt 200, besonders bevorzugt 100 Nukleotide der Sequenz stromaufwärts des 5'-Endes des kodierenden Bereichs und mindestens 100, bevorzugt 50, besonders bevorzugt 20 Nukleotide der Sequenz stromabwärts des 3'-Endes des kodierenden Genbereichs. Ein "isoliertes" Nukleinsäuremolekül wird von anderen Nukleinsäuremolekülen abgetrennt, die in der natürlichen Quelle der Nukleinsäure vorliegen. Eine "isolierte" Nukleinsäure hat vorzugsweise keine Sequenzen, welche die Nukleinsäure in der genomischen DNA des Organismus, aus dem die Nukleinsäure stammt, natürlicherweise flankieren (z. B. Sequenzen, die sich an den 5'- und 3'-Enden der Nukleinsäure befinden). Bei verschiedenen Ausführungsformen kann das isolierte Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuremolekül zum Beispiel weniger als etwa 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb oder 0,1 kb an Nukleotidsequenzen enthalten, die natürlicherweise das Nukleinsäuremolekül in der genomischen DNA der Zelle, aus der die Nukleinsäure stammt flankieren.

[0091] Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuremoleküle, z. B. ein Nukleinsäuremolekül mit einer Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1 oder eines Teils davon, kann unter Verwendung molekularbiologischer Standardtechniken und der hier bereitgestellten Sequenzinformation isoliert werden. Auch kann mithilfe von Vergleichsalgorithmen beispielsweise eine homologe Sequenz oder homologe, konservierte Sequenzbereiche auf DNA oder Aminosäureebene identifiziert werden. Diese können als Hybridisierungssonde sowie Standard-Hybridisierungstechniken (wie z. B. beschrieben in Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) zur Isolierung weiterer im Verfahren nützlicher Nukleinsäuresequenzen verwendet werden. Überdies lässt sich ein Nukleinsäuremolekül, umfassend eine vollständige Sequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion isolieren, wobei Oligonukleotidprimer, die auf der Basis dieser Sequenz oder von Teilen davon, verwendet werden (z. B. kann ein Nukleinsäuremolekül, umfassend die vollständigen Sequenz oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion unter Verwendung von Oligonukleotidprimern isoliert werden, die auf der Basis dieser gleichen Sequenz erstellt worden sind). Zum Beispiel lässt sich mRNA aus Zellen isolieren (z. B. durch das Guanidiniumthiocyanat-Extraktionsverfahren von Chirgwin et al. (1979) Biochemistry 18: 5294-5299) und cDNA mittels Reverse Transkriptase (z. B. Moloney-MLV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Gibco/BRL, Bethesda, MD, oder AMV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Seikagaku America, Inc., St. Petersburg, FL) herstellen. Synthetische Oligonukleotidprimer zur

Amplifizierung mittels Polymerasekettenreaktion lassen sich auf der Basis einer der in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 sowie der in Fig. 5a gezeigten Sequenzen oder mithilfe der in SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 dargestellten Aminosäuresequenzen erstellen. Eine erfindungsgemäße Nukleinsäure kann unter Verwendung von cDNA oder alternativ von genomischer DNA als Matrize und geeigneten Oligonukleotidprimern gemäß Standard-PCR-Amplifikationstechniken amplifiziert werden. Die so amplifizierte Nukleinsäure kann in einen geeigneten Vektor kloniert werden und mittels DNA-Sequenzanalyse charakterisiert werden. Oligonukleotide, die einer Desaturase-Nukleotidsequenz entsprechen, können durch Standard-Syntheseverfahren, beispielsweise mit einem automatischen DNA-Synthesegerät, hergestellt werden.

[0092] Homologe der verwendeten Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuresequenzen mit der Sequenz SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeutet beispielsweise allelische Varianten mit mindestens etwa 50 bis 60%, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70%, stärker bevorzugt mindestens etwa 95%, 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Homologie zu einer in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen oder ihren Homologen, Derivaten oder Analoga oder Teilen davon. Weiterhin sind isolierte Nukleinsäuremoleküle einer Nukleotidsequenz, die an eine der in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen oder einen Teil davon hybridisieren, z. B. unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Allelische Varianten umfassen insbesondere funktionelle Varianten, die sich durch Deletion, Insertion oder Substitution von Nukleotiden aus/in der in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 dargestellten Sequenz erhalten lassen, wobei aber die Absicht ist, dass die Enzymaktivität der davon herrührenden synthetisierten Proteine für die Insertion eines oder mehrerer Gene vorteilhafterweise beibehalten wird. Proteine, die noch die enzymatische Aktivität der Desaturase oder Elongase besitzen, das heißt deren Aktivität im wesentlichen nicht reduziert ist, bedeutet Proteine mit mindestens 10%, vorzugsweise 20%, besonders bevorzugt 30%, ganz besonders bevorzugt 40% der ursprünglichen Enzymaktivität, verglichen mit dem durch SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 kodierten Protein.

[0093] Homologen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeuten beispielsweise auch bakterielle, Pilz- und Pflanzenhomologen, verkürzte Sequenzen, einzelsträngige DNA oder RNA der kodierenden und nicht-kodierenden DNA-Sequenz.

[0094] Homologen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeutet auch Derivate, wie beispielsweise Promotorvarianten. Die Promotoren stromaufwärts der angegebenen Nukleotidsequenzen können durch einen oder mehrere Nukleotidaustausche, durch Insertion(en) und/oder Deletion(en) modifiziert werden, ohne dass jedoch die Funktionalität oder Aktivität der Promotoren gestört wird. Es ist weiterhin möglich, dass die Aktivität der Promotoren durch Modifikation ihrer Sequenz erhöht ist oder dass sie vollständig durch aktivere Promotoren, sogar aus heterologen Organismen, ersetzt werden.

[0095] Die vorgenannten Nukleinsäuren und Proteinmoleküle mit Desaturase- oder Elongaseaktivität, die am Stoffwechsel von Lipiden und Fettsäuren, PUFA-Cofaktoren und Enzymen oder am Transport lipophiler Verbindungen über Membranen beteiligt sind, werden im erfindungsgemäßen Verfahren zur Modulation der Produktion von Verbindungen der allgemeinen Formel I in transgenen Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Sojabohne, Erdnuss, Baumwolle, Linum Arten wie Öl- oder Faserlein, Brassica-Arten, wie Raps, Canola und Rübsen, Pfeffer, Sonnenblume, Borretsch, Nachtkerze und Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Maniok, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss) und ausdauernden Gräsern und Futterfeldfrüchten, entweder direkt (z. B. wenn die Überexpression oder Optimierung eines Fettsäurebiosynthese-Proteins einen direkten Einfluss auf die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion der Fettsäure aus modifizierten Organismen hat) verwenden und/oder können eine indirekt Auswirkung haben, die dennoch zu einer Steigerung der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer gewünschten Verbindung oder einer Abnahme unerwünschter Verbindungen führt (z. B. wenn die Modulation des Stoffwechsels von Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen zu Veränderungen der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion oder der Zusammensetzung der gewünschten Verbindungen innerhalb der Zellen führt, was wiederum die Produktion einer oder mehrerer Fettsäuren beeinflussen kann).

[0096] Die Kombination verschiedener Vorläufermoleküle und Biosynthesenzyme führt zur Herstellung verschiedener Fettsäuremoleküle, was eine entscheidende Auswirkung auf die Zusammensetzung der Lipide hat. Da mehrfach ungesättigte Fettsäuren (= PUFAs) nicht nur einfach in Triacylglycerin sondern auch in Membranlipide eingebaut werden.

[0097] Die Lipidsynthese lässt sich in zwei Abschnitte unterteilen: die Synthese von Fettsäuren und ihre Bindung an sn-Glycerin-3-Phosphat sowie die Addition oder Modifikation einer polaren Kopfgruppe. Übliche Lipide, die in Membranen verwendet werden, umfassen Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide und Phosphoglyceride. Die Fettsäuresynthese beginnt mit der Umwandlung von Acetyl-CoA in Malonyl-CoA durch die Acetyl-CoA-Carboxylase oder in Acetyl-ACP durch die Acetyltransacylase. Nach einer Kondensationsreaktion bilden diese beiden Produktmoleküle zusammen Acetoacetyl-ACP, das über eine Reihe von Kondensations-, Reduktions- und Dehydratisierungsreaktionen umgewandelt wird, so dass ein gesättigtes Fettsäuremolekül mit der gewünschten Kettenlänge erhalten wird. Die Produktion der ungesättigten Fettsäuren aus diesen Molekülen wird durch spezifische Desaturasen katalysiert, und zwar entweder aerob mittels molekularem Sauerstoff oder anaerob (bezüglich der Fettsäuresynthese in Mikroorganismen siehe F. C. Neidhardt et al. (1996) *E. coli* und *Salmonella*. ASM Press: Washington, D. C., S. 612–636 und darin enthaltene Literaturstellen; Lengeler et al. (Hrsgb.) (1999) *Biology of Prokaryotes*. Thieme: Stuttgart, New York, und die enthaltene Literaturstellen, sowie Magnuson, K., et al. (1993) *Microbiological Reviews* 57: 522–542 und die enthaltenen Literaturstellen).

[0098] Vorläufer für die PUFA-Biosynthese sind beispielsweise Ölsäure, Linol- und Linolensäure. Diese C₁₈-Kohlenstoff-Fettsäuren müssen auf C₂₀ und C₂₂ verlängert werden, damit Fettsäuren vom Eicosa- und Docosa-Kettentyp erhalten werden. Mithilfe der im Verfahren verwendeten Desaturasen wie der Δ -5- und Δ -6-Desaturase und der Δ -6-Elongase können Arachidonsäure und Eicosapentaensäure sowie verschiedene andere langkettige PUFAs erhalten, extrahiert und für verschiedene Zwecke bei Nahrungsmittel-, Futter-, Kosmetik- oder pharmazeutischen Anwendungen verwendet werden.

den. Mit den genannten Enzymen können vorzugsweise $C_{18} + C_{20}$ Fettsäuren mit mindestens zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise zu C_{20} -Fettsäuren mit vorteilhaft drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Fettsäuremolekül hergestellt werden. Die Desaturierung kann vor oder nach Elongation der entsprechenden Fettsäure erfolgen. Daher führen die Produkte der Desaturaseaktivitäten und der möglichen weiteren Desaturierung und Elongation zu bevorzugten PUFAs mit höherem Desaturierungsgrad, einschließlich einer weiteren Elongation von C_{20} zu C_{22} -Fettsäuren, zu Fettsäuren wie γ -Linolensäure, Dihomo- γ -linolensäure, Arachidonsäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Substrate im erfindungsgemäßen Verfahren sind zum Beispiel Linolsäure, γ -Linolensäure, α -Linolensäure, Dihomo- γ -linolensäure, Eicosatetraensäure oder Stearidonsäure. Bevorzugte Substrate sind Linolsäure, γ -Linolensäure und/oder α -Linolensäure, dihomogamma-linolensäure bzw. Arachidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Die C_{18} - oder C_{20} -Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure fallen im erfindungsgemäßen Verfahren in Form der freien Fettsäure oder in Form ihrer Ester (siehe Formel I) beispielsweise in Form ihrer Glyceride an.

[0099] Unter dem Begriff "Glycerid" wird ein mit ein, zwei oder drei Carbonsäureresten verestertes Glycerin verstanden (Mono-, Di- oder Triglycerid). Unter "Glycerid" wird auch ein Gemisch an verschiedenen Glyceriden verstanden. Das Glycerid oder das Glyceridgemisch kann weitere Zusätze, z. B. freie Fettsäuren, Antioxidantien, Proteine, Kohlenhydrate, Vitamine und/oder andere Substanzen enthalten.

[0100] Unter einem "Glycerid" im Sinne des erfindungsgemäßen Verfahrens werden ferner vom Glycerin abgeleitete Derivate verstanden. Dazu zählen neben den oben beschriebenen Fettsäureglyceriden auch Glycerophospholipide und Glyceroglycolipide. Bevorzugt seien hier die Glycerophospholipide wie Lecithin (Phosphatidylcholin), Cardiolipin, Phosphatidylglycerin, Phosphatidylserin und Alkylacylglycerophospholipide beispielhaft genannt.

[0101] Ferner müssen Fettsäuren anschließend an verschiedene Modifikationsorte transportiert und in das Triacylglycerin-Speicherlipid eingebaut werden. Ein weiterer wichtiger Schritt bei der Lipidsynthese ist der Transfer von Fettsäuren auf die polaren Kopfgruppen, beispielsweise durch Glycerin-Fettsäure-Acyltransferase (siehe Frentzen, 1998, Lipid, 100(4-5): 161-166).

[0102] Veröffentlichungen über die Pflanzen-Fettsäurebiosynthese, Desaturierung, den Lipidstoffwechsel und Membrantransport von fetthaltigen Verbindungen, die Betaoxidation, Fettsäuremodifikation und Cofaktoren, Triacylglycerin-Speicherung und -Assemblierung einschließlich der Literaturstellen darin siehe in den folgenden Artikeln: Kinney, 1997, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 19: 149-166; Ohlrogge und Browse, 1995, Plant Cell 7: 957-970; Shanklin und Cahoon, 1998, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. 49: 611-641; Voelker, 1996, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 18: 111-13; Gerhardt, 1992, Prog. Lipid R. 31: 397-417; Gühnemann-Schäfer & Kindl, 1995, Biochim. Biophys Acta 1256: 181-186; Kunau et al., 1995, Prog. Lipid Res. 34: 267-342; Stymne et al., 1993, in: Biochemistry and Molecular Biology of Membrane and Storage Lipids of Plants, Hrsgb.: Murata und Somerville, Rockville, American Society of Plant Physiologists, 150-158, Murphy & Ross 1998, Plant Journal. 13(1): 1-16.

[0103] Die im Verfahren hergestellten PUFAs, umfassen eine Gruppe von Molekülen, die höhere Tiere nicht mehr synthetisieren können und somit aufnehmen müssen oder die höhere Tiere nicht mehr ausreichend selbst herstellen können und somit zusätzlich aufnehmen müssen, obwohl sie leicht von anderen Organismen, wie Bakterien, synthetisiert werden, beispielsweise können Katzen Arachidonsäure nicht mehr synthetisieren.

[0104] Der Begriff "Desaturase oder Elongase" oder "Desaturase- oder Elongase-Polypeptid" im Sinne der Erfindung umfasst Proteine, die an der Desaturierung und Elongierung von Fettsäuren teilnehmen, sowie ihre Homologen, Derivate oder Analoga. Die Begriffe Desaturase oder Elongase-Nukleinsäuresequenz(en) umfassen Nukleinsäuresequenzen, die eine Desaturase oder Elongase kodieren und bei denen ein Teil eine kodierende Region und ebenfalls entsprechende 5'- und 3'-untranslatierte Sequenzbereiche sein können. Die Begriffe Produktion oder Produktivität sind im Fachgebiet bekannt und beinhalten die Konzentration des Fermentationsproduktes (Verbindungen der Formel D), das in einer bestimmten Zeitspanne und einem bestimmten Fermentationsvolumen gebildet wird (z. B. kg Produkt pro Stunde pro Liter). Der Begriff Effizienz der Produktion umfasst die Zeit, die zur Erzielung einer bestimmten Produktionsmenge nötig ist (z. B. wie lange die Zelle zur Aufrichtung einer bestimmten Durchsatzrate einer Feinchemikalie benötigt). Der Begriff Ausbeute oder Produkt/Kohlenstoff-Ausbeute ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Effizienz der Umwandlung der Kohlenstoffquelle in das Produkt (d. h. die Feinchemikalie). Dies wird gewöhnlich beispielsweise ausgedrückt als kg Produkt pro kg Kohlenstoffquelle. Durch Erhöhen der Ausbeute oder Produktion der Verbindung wird die Menge der gewonnenen Moleküle oder der geeigneten gewonnenen Moleküle dieser Verbindung in einer bestimmten Kulturmenge über einen festgelegten Zeitraum erhöht. Die Begriffe Biosynthese oder Biosyntheseweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Synthese einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung, durch eine Zelle aus Zwischenverbindungen, beispielsweise in einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Die Begriffe Abbau oder Abbaupfad sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Spaltung einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung, durch eine Zelle in Abbauprodukte (allgemeiner gesagt, kleinere oder weniger komplexe Moleküle) beispielsweise in einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Der Begriff Stoffwechsel ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Gesamtheit der biochemischen Reaktionen, die in einem Organismus stattfinden.

[0105] Der Stoffwechsel einer bestimmten Verbindung (z. B. der Stoffwechsel einer Fettsäure) umfasst dann die Gesamtheit der Biosynthese-, Modifikations- und Abbaupfade dieser Verbindung in der Zelle, die diese Verbindung betreffen.

[0106] Bei einer weiteren Ausführungsform kodieren Derivate des erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküls Proteine mit mindestens 50%, vorteilhaft etwa 50 bis 60%, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70% und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 bis 80%, 80 bis 90%, 90 bis 95% und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 96%, 97%, 98%, 99% oder mehr Homologie (= Identität) zu einer vollständigen Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32. Die Homologie der Aminosäuresequenz kann über den gesamten Sequenzbereich mit dem Programm PileUp (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins et al., CABIOS, 5, 1989: 151-153) oder BEST-FIT oder GAP bestimmt (Henikoff, S. and Henikoff, J. G. (1992). Amino acid substitution matrices from protein blocks. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89: 10915-10919.)

[0107] Die Erfindung umfasst zudem Nukleinsäuremoleküle, die sich von einer der in SEQ ID NO: 1, 3, 5 oder 11 gezeigten Nukleotidsequenzen (und Teilen davon) aufgrund des degenerierten genetischen Codes unterscheiden und somit die gleiche Desaturase kodieren wie diejenige, die von den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen kodiert wird.

5 [0108] Zusätzlich zu den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Desaturase-Nukleotidsequenzen erkennt der Fachmann, dass DNA-Sequenzpolymorphismen, die zu Änderungen in den Aminosäuresequenzen der Desaturasen oder Elongasen führen, innerhalb einer Population existieren können. Diese genetischen Polymorphismen im Desaturase- oder Elongase-Gen können zwischen Individuen innerhalb einer Population aufgrund von natürlicher Variation existieren. Diese natürlichen Varianten bewirken üblicherweise eine Varianz von 1 bis 10 5% in der Nukleotidsequenz des Desaturase- oder Elongase-Gens. Sämtliche und alle dieser Nukleotidvariationen und daraus resultierende Aminosäurepolymorphismen in der Desaturase oder Elongase, die das Ergebnis natürlicher Variation sind und die funktionelle Aktivität von Desaturasen oder Elongasen nicht verändern, sollen im Umfang der Erfindung enthalten sein.

[0109] Für das erfindungsgemäße Verfahren vorteilhafte Nukleinsäuremoleküle können auf der Grundlage ihrer Homologie zu den hier offenbarten Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuren unter Verwendung der Sequenzen oder eines Teils davon als Hybridisierungsprobe gemäß Standard-Hybridisierungstechniken unter stringenten Hybridisierungsbedingungen isoliert werden. Dabei können beispielsweise isolierte Nukleinsäuremoleküle verwendet werden, die mindestens 15 Nukleotide lang sind und unter stringenten Bedingungen mit dem Nukleinsäuremolekülen, die eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 umfassen, hybridisieren. Es können auch Nukleinsäuren mindestens 25, 50, 100, 250 oder mehr Nukleotide verwendet werden. Der Begriff "hybridisiert unter stringenten Bedingungen", wie hier verwendet, soll Hybridisierungs- und Waschbedingungen beschreiben, unter denen Nukleotidsequenzen, die mindestens 60% homolog zueinander sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Die Bedingungen sind vorzugsweise derart, dass Sequenzen, die mindestens etwa 65%, stärker bevorzugt mindestens etwa 70% und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 75% oder stärker zueinander homolog sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Diese stringenten Bedingungen sind dem Fachmann bekannt und lassen sich in Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N. Y. (1989), 6.3.1–6.3.6., finden. Ein bevorzugtes, nicht einschränkendes Beispiel für stringente Hybridisierungsbedingungen sind Hybridisierungen in $6 \times$ Natriumchlorid/Natriumcitrat (sodium chloride/sodium citrate = SSC) bei etwa 45°C, gefolgt von einem oder mehreren Waschschritten in $0,2 \times$ SSC, 0,1% SDS bei 50 bis 65°C. Dem Fachmann ist bekannt, dass diese Hybridisierungsbedingungen sich je nach dem Typ der Nukleinsäure und, wenn beispielsweise organische Lösungsmittel vorliegen, hinsichtlich der Temperatur und der Konzentration des Puffers unterscheiden. Die Temperatur unterscheidet sich beispielsweise unter "Standard-Hybridisierungsbedingungen" je nach dem Typ der Nukleinsäure zwischen 42°C und 58°C in wässrigem Puffer mit einer Konzentration von 0,1 bis $5 \times$ SSC (pH 7,2). Falls organisches Lösungsmittel im obengenannten Puffer vorliegt, zum Beispiel 50% Formamid, ist die Temperatur unter Standardbedingungen etwa 42°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:DNA-Hybride zum Beispiel $0,1 \times$ SSC und 20°C bis 45°C, vorzugsweise zwischen 30°C und 45°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:RNA-Hybride zum Beispiel $0,1 \times$ SSC und 30°C bis 55°C, vorzugsweise zwischen 45°C und 55°C. Die vorstehend genannten Hybridisierungstemperaturen sind beispielsweise für eine Nukleinsäure mit etwa 100 bp (= Basenpaare) Länge und einem G + C-Gehalt von 50% in Abwesenheit von Formamid bestimmt. Der Fachmann weiß, wie die erforderlichen Hybridisierungsbedingungen anhand von Lehrbüchern, wie dem vorstehend erwähnten oder aus den folgenden Lehrbüchern Sambrook et al., "Molecular Cloning", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989; Hames und Higgins (Hrsgb.) 1985, "Nucleic Acids Hybridization: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford; Brown (Hrsgb.) 1991, "Essential Molecular Biology: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford, bestimmt werden können.

[0110] Zur Bestimmung der prozentualen Homologie (= Identität) von zwei Aminosäuresequenzen (z. B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32) oder von zwei Nukleinsäuren (z. B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31) werden die Sequenzen zum Zweck des optimalen Vergleichs untereinander geschrieben (z. B. können Lücken in die Sequenz eines Proteins oder einer Nukleinsäure eingefügt werden, um ein optimales Alignment mit dem anderen Protein oder der anderen Nukleinsäure zu erzeugen). Die Aminosäurereste oder Nukleotide an den entsprechenden Aminosäurepositionen oder Nukleotidpositionen werden dann verglichen. Wenn eine Position in einer Sequenz durch den gleichen Aminosäurerest oder das gleiche Nukleotid wie die entsprechende Stelle in der anderen Sequenz belegt wird, dann sind die Moleküle an dieser Position homolog (d. h. Aminosäure- oder Nukleinsäure-"Homologie", wie hier verwendet, entspricht Aminosäure- oder Nukleinsäure-"Identität"). Die prozentuale Homologie zwischen den beiden Sequenzen ist eine Funktion der Anzahl an identischen Positionen, die den Sequenzen gemeinsam sind (d. h. % Homologie = Anzahl der identischen Positionen/Gesamtanzahl der Positionen \times 100). Die Begriffe Homologie und Identität sind damit als Synonym anzusehen.

[0111] Ein isoliertes Nukleinsäuremolekül, das eine Desaturase oder Elongase kodiert, die zu einer Proteinsequenz der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 homolog ist, kann durch Einbringen einer oder mehrerer Nukleotidsubstitutionen, -additionen oder -deletionen in eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 erzeugt werden, so dass eine oder mehrere Aminosäuresubstitutionen, -additionen oder -deletionen in das kodierte Protein eingebracht werden. Mutationen können in eine der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 durch Standardtechniken, wie stellen-spezifische Mutagenese und PCR-vermittelte Mutagenese, eingebracht werden. Vorzugsweise werden konservative Aminosäuresubstitutionen an einer oder mehreren der vorhergesagten nicht-essentiellen Aminosäureresten hergestellt. Bei einer "konservativen Aminosäuresubstitution" wird der Aminosäurerest gegen einen Aminosäurerest mit einer ähnlichen Seitenkette ausgetauscht. Im Fachgebiet sind Familien von Aminosäureresten mit ähnlichen Seitenketten definiert worden. Diese Familien umfassen Aminosäuren mit basischen Seitenketten (z. B. Lysin, Arginin, Histidin), sauren Seitenketten (z. B. Asparaginsäure, Glutaminsäure), ungeladenen polaren Seitenketten (z. B. Glycin, Asparagin, Glutamin, Serin, Threonin, Tyrosin, Cystein), unpolaren Seitenketten, (z. B. Alanin, Valin, Leucin, Isoleucin, Prolin, Phenylalanin, Methionin, Tryp-

tophan), beta-verzweigten Seitenketten (z. B. Threonin, Valin, Isolucuin) und aromatischen Seitenketten (z. B. Tyrosin, Phenylalanin, Tryptophan, Histidin). Ein vorhergesagter nicht-essentieller Aminosäurerest in einer Desaturase oder Elongase wird somit vorzugsweise durch einen anderen Aminosäurerest aus der gleichen Seitenkettenfamilie ausgetauscht. Alternativ können bei einer anderen Ausführungsform die Mutationen zufallsgemäß über die gesamte oder einen Teil der Desaturase-kodierenden Sequenz eingebracht werden, z. B. durch Sättigungsmutagenese, und die resultierenden Mutanten können nach der hier beschriebenen Desaturase-Aktivität durchmustert werden, um Mutanten zu identifizieren, die Desaturase- oder Elongase-Aktivität beibehalten. Nach der Mutagenese einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 kann das kodierte Protein rekombinant exprimiert werden, und die Aktivität des Proteins kann z. B. unter Verwendung der hier beschriebenen Tests bestimmt werden.

[0112] Diese Erfindung wird durch die nachstehenden Beispiele weiter veranschaulicht, die nicht als beschränkend aufgefaßt werden sollten. Der Inhalt sämtlicher in dieser Patentanmeldung zitierten Literaturstellen, Patentanmeldungen, Patente und veröffentlichten Patentanmeldungen ist hier durch Bezugnahme aufgenommen.

Beispielteil

Beispiel 1

Allgemeine Verfahren

a) Allgemeine Klonierungsverfahren

[0113] Klonierungsverfahren, wie beispielsweise Restriktionsspaltungen, Agarosegelelektrophorese, Reinigung von DNA-Fragmenten, Transfer von Nukleinsäuren auf Nitrocellulose- und Nylonmembranen, Verbindung von DNA-Fragmenten, Transformation von *Escherichia coli*- und Hefe-Zellen, Anzucht von Bakterien und Sequenzanalyse rekombinanter DNA, wurden durchgeführt wie beschrieben in Sambrook et al. (1989) (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6) oder Kaiser, Michaelis und Mitchell (1994) "Methods in Yeast Genetics" (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-451-3).

b) Chemikalien

[0114] Die verwendeten Chemikalien wurden, wenn im Text nicht anders angegeben, in p. A.-Qualität von den Firmen Fluka (Neu-Ulm), Merck (Darmstadt), Roth (Karlsruhe), Serva (Heidelberg) und Sigma (Deisenhofen) bezogen. Lösungen wurden unter Verwendung von reinem pyrogenfreiem Wasser, im nachstehenden Text als H₂O bezeichnet, aus einer Milli-Q-Wassersystem-Wasserreinigungsanlage (Millipore, Eschborn) hergestellt. Restriktionsendonukleasen, DNA-modifizierende Enzyme und molekularbiologische Kits wurden bezogen von den Firmen AGS (Heidelberg), Amersham (Braunschweig), Biometra (Göttingen), Boehringer (Mannheim), Genomed (Bad Oeynhausen), New England Biolabs (Schwalbach/Taunus), Novagen (Madison, Wisconsin, USA), Perkin-Elmer (Weiterstadt), Pharmacia (Freiburg), Qiagen (Hilden) und Stratagene (Amsterdam, Niederlande). Wenn nicht anders angegeben, wurden sie nach den Anweisungen des Herstellers verwendet.

Beispiel 2

Isolierung von Gesamt-RNA und poly(A)⁺-RNA aus Pflanzen

[0115] Die Isolierung von Gesamt-RNA aus Pflanzen wie Lein und Raps etc. erfolgt nach einer bei Logemann et al. beschriebenen Methode (1987, Anal. Biochem. 163, 21) isoliert. Aus Moos kann die Gesamt-RNA Protonema-Gewebe nach dem GTC-Verfahren (Reski et al., 1994, Mol. Gen. Genet., 244: 352-359) gewonnen werden.

Beispiel 3

Transformation von Agrobacterium

[0116] Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation kann zum Beispiel unter Verwendung des GV3101-(pMP90-) (Koncz und Schell, Mol. Gen. Genet. 204 (1986) 383-396) oder LBA4404- (Clontech) oder C58C1 pGV2260 (Deblaere et al 1984, Nucl. Acids Res. 13, 4777-4788) Agrobacterium tumefaciens-Stamms durchgeführt werden. Die Transformation kann durch Standard-Transformationstechniken durchgeführt werden (ebenfalls Deblaere et al. 1984).

Beispiel 4

Pflanzentransformation

[0117] Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation kann unter Verwendung von Standard-Transformations- und Regenerationstechniken durchgeführt werden (Gelvin, Stanton B., Schilperoort, Robert A., Plant Molecular Biology Manual, 2. Aufl., Dordrecht: Kluwer Academic Publ., 1995, in Sect., Ringbuc Zentrale Signatur: BT11-P ISBN 0-7923-2731-4; Glick, Bernard R., Thompson, John E., Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, Boca Raton: CRC Press, 1993, 360 S., ISBN 0-8493-5164-2).

[0118] Beispielsweise kann Raps mittels Kotyledonen- oder Hypokotyltransformation transformiert werden (Moloney et al., Plant Cell 8 (1989) 238-242; De Block et al., Plant Physiol. 91 (1989) 694-701). Die Verwendung von Antibiotika

für die Agrobacterium- und Pflanzenselektion hängt von dem für die Transformation verwendeten binären Vektor und Agrobacterium-Stamm ab. Die Rapssselektion wird gewöhnlich unter Verwendung von Kanamycin als selektierbarem Pflanzenmarker durchgeführt.

[0119] Der Agrobacterium-vermittelte Gentransfer in Lein (*Linum usitatissimum*) lässt sich unter Verwendung von beispielsweise einer von Mlynarova et al. (1994) Plant Cell Report 13: 282–285 beschriebenen Technik durchführen.

[0120] Die Transformation von Soja kann unter Verwendung von beispielsweise einer in EP-A-0 0424 047 (Pioneer Hi-Bred International) oder in EP-A-0 0397 687, US 5,376,543, US 5,169,770 (University Toledo) beschriebenen Technik durchgeführt werden.

[0121] Die Pflanzentransformation unter Verwendung von Teilchenbeschuss, Polyethylenglycol-vermittelter DNA-Aufnahme oder über die Siliziumcarbonatfaser-Technik ist beispielsweise beschrieben von Freeling und Walbot "The maize handbook" (1993) ISBN 3-540-97826-7, Springer Verlag New York).

Beispiel 5

15 Plasmide für die Pflanzentransformation

[0122] Zur Pflanzentransformation können binäre Vektoren, wie pBinAR (Höfgen und Willmitzer, Plant Science 66 (1990) 221–230) oder pGPTV (Becker et al 1992, Plant Mol. Biol. 20: 1195–1197) verwendet werden. Die Konstruktion der binären Vektoren kann durch Ligation der cDNA in Sense- oder Antisense-Orientierung in T-DNA erfolgen. 5' der cDNA aktiviert ein Pflanzenpromotor die Transkription der cDNA. Eine Polyadenylierungssequenz befindet sich 3' von der cDNA. Die binären Vektoren können unterschiedliche Markergene tragen. Insbesondere kann das nptII-Markergene codierend für Kanamycin-Resistenz vermittelt durch Neomycinphosphotransferase gegen die herbizidresistente Form eines Acetolactat Synthasegens (AHAS oder ALS) ausgetauscht werden. Das ALS-Gen ist beschrieben in Ott et al., J. Mol. Biol. 1996, 263: 359–360. Der v-ATPase-c1-Promotor kann in das Plasmid pBin19 oder pGPTV kloniert werden und durch Klonierung vor das ALS Codierregion für die Markergenexpression genutzt werden. Der genannte Promotor entspricht einem 1153 Basenpaarfragment aus beta-Vulgaris (Plant Mol Biol, 1999, 39: 463–475). Dabei können sowohl Sulphonylharnstoffe als auch Imidazolinone wie Imazethapyr oder Sulphonylharnstoffe als Antimetaboliten zur Selektion verwendet werden.

[0123] Die gewebespezifische Expression lässt sich unter Verwendung eines gewebespezifischen Promotors erzielen. Beispielsweise kann die samenspezifische Expression erreicht werden, indem der DC3- oder der LeB4- oder der USP-Promotor oder der Phaseolin-Promotor 5' der cDNA einkloniert wird. Auch jedes andere samenspezifische Promotorelement wie z. B. der Napin- oder Arcelin Promotor Goossens et al. 1999, Plant Phys. 120(4): 1095–1103 und Gerhardt et al. 2000, Biochimica et Biophysica Acta 1490(1–2): 87–98) kann verwendet werden. Zur konstitutiven Expression in der ganzen Pflanze lässt sich der CaMV-35S-Promotor oder ein v-ATPase C1 Promotor verwenden.

[0124] Insbesondere lassen sich Gene codierend für Desaturasen und Elongasen durch Konstruktion mehrerer Expressionskassetten hintereinander in einen binären Vektor klonieren, um den Stoffwechselweg in Pflanzen nachzubilden.

[0125] Innerhalb einer Expressionskassette kann das zu exprimierende Protein unter Verwendung eines Signalpeptids, beispielsweise für Plastiden, Mitochondrien oder das Endoplasmatische Retikulum, in ein zelluläres Kompartiment dirigiert werden (Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285–423). Das Signalpeptid wird 5' im Leseraster mit der cDNA einkloniert, um die subzelluläre Lokalisierung des Fusionsprotein zu erreichen.

[0126] Beispiele für Multiexpressionskassetten sind im folgenden gegeben.

I.) Promotor-Terminator-Kassetten

[0127] Expressionskassetten bestehen aus wenigstens zwei funktionellen Einheiten wie einem Promotor und einem Terminator. Zwischen Promotor und Terminator können weitere gewünschte Gensequenzen wie Targetting-Sequenzen, Codierregionen von Genen oder Teilen davon etc. eingefügt werden. Zum Aufbau von Expressionskassetten werden Promotoren und Terminatoren (USP Promotor: Baeumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3): 459–67); OCS Terminator: Gielen et al. EMBO J. 3 (1984) 835ff.) mithilfe der Polymerasekettenreaktion isoliert und mit flankierenden Sequenzen nach Wahl auf Basis von synthetischen Oligonukleotiden maßgeschneidert.

[0128] Folgende Oligonukleotide können beispielsweise verwendet werden:

USP1 vorne: CCGGAATTCCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA

USP2 vorne: CCGGAATTCCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA

USP3 vorne: CCGGAATTCCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA

55 USP1 hinten: AAAACTGCAGGCGGCGCCACCGCGGTGGGCTGGCTATGAAGAAATT

USP2 hinten: CGCGGATCCGCTGGCTATGAAGAAATT

USP3 hinten: TCCCCCGGGATCGATGCCGGCAGATCTGCTGGCTATGAAGAAATT

OCS1 vorne: AAAACTGCAGTCTAGAAGGCCTCTGCTTTAATGAGATAT

OCS2 vorne: CGCGGATCCGATATCGGGCCCCGCTAGCGTTAACCCCTGCTTTAATGAGATAT

60 OCS3 vorne: TCCCCCGGGCCATGGCCTGCTTTAATGAGATAT

OCS1 hinten: CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA

OCS2 hinten: CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA

OCS3 hinten: CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA

[0129] Die Methoden sind dem Fachmann auf dem Gebiet bekannt und sind allgemein literaturbekannt.

65 [0130] In einem ersten Schritt werden ein Promotor und ein Terminator über PCR amplifiziert. Dann wird der Terminator in ein Empfängerplasmid kloniert und in einem zweiten Schritt der Promotor vor den Terminator inseriert. Mithin erhält man eine Expressionskassette auf einem Trägerplasmid. Auf Basis des Plasmides pUC19 werden die Plasmide pUT1, 2 und 3 erstellt.

[0131] Die Konstrukte sind erfindungsgemäß in SEQ ID NO: 33, 34 bis 42 definiert. Sie enthalten den USP-Promotor und den OCS Terminator. Auf Basis dieser Plasmide wird das Konstrukt pUT12 erstellt, indem pUT1 mittels SalI/ScaI geschnitten wird und pUT2 mittels XhoI/ScaI geschnitten wird. Die die Expressionskassetten enthaltenden Fragmente werden ligiert und in E. coli XLI blue MRF transformiert. Es wird nach Vereinzelung ampicillinresistenter Kolonien DNA präpariert und per Restriktionsanalyse solche Klone identifiziert, die zwei Expressionskassetten enthalten. Die XhoI/SalI Ligation kompatibler Enden hat dabei die beiden Schnittstellen XhoI und SalI zwischen den Expressionskassetten eliminiert. Es resultiert das Plasmid pUT12, das in SEQ ID NO: 36 definiert ist. Anschließend wird pUT12 wiederum mittels Sal/ScaI geschnitten und pUT3 mittels XhoI/ScaI geschnitten. Die die Expressionskassetten enthaltenden Fragmente werden ligiert und in E. coli XLI blue MRF transformiert. Es wird nach Vereinzelung ampicillinresistenter Kolonien DNA präpariert und per Restriktionsanalyse solche Klone identifiziert, die drei Expressionskassetten enthalten. Auf diese Weise wird ein Set von Multiexpressionskassetten geschaffen, dass für die Insertion gewünschter DNA genutzt werden kann und in Tabelle 1 beschrieben wird und zudem noch weitere Expressionskassetten aufnehmen kann.

[0132] Diese enthalten folgende Elemente:

Tabelle 1

PUC19-Derivat	Schnittstellen vor dem USP Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
PUT1	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
PUT2	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
PUT3	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/ AscI/HindIII
PUT12 Doppel- expressions- kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI Und BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
PUT123 Tripel- expressions- kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	1. BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und 2. BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI und 3. BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/AscI/HindIII

[0133] Weiterhin lassen sich wie beschrieben und wie in Tabelle 2 näher spezifiziert weitere Multiexpressionskassetten mithilfe des

- i) USP-Promotors oder mithilfe des
- ii) 700 Basenpaare 3'-Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
- iii) DC3-Promotors erzeugen und für samenspezifische Genexpression einsetzen.

[0134] Der DC3-Promotor ist beschrieben bei Thomas, Plant Cell 1996, 263: 359-368 und besteht lediglich aus der Region -117 bis +26 weshalb er mithin einer der kleinsten bekannten samenspezifischen Promotoren darstellt. Die Expressionskassetten können mehrfach den selben Promotor enthalten oder aber über drei verschiedene Promotoren aufgebaut werden.

[0135] Dem Sequenzprotokoll SEQ ID NO: 43 bis 49 sind die für die Pflanzentransformation verwendeten Vektoren sowie die Sequenzen der inserierten Gene/Proteine zu entnehmen.

[0136] Vorteilhaft verwendete Polylinker- bzw. Polylinker-Terminator-Polylinker sind den Sequenzen SEQ ID NO: 50 bis 52 zu entnehmen.

Tabelle 2

Multiple Expressionskassetten

Plasmidname des pUC19-Derivates	Schnittstellen vor dem jeweiligen Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
PUT1 (pUC19 mit USP-OCS1)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/PstI/XbaI/StuI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
PDCT (pUC19 mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/HpaI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
PleBT (pUC19-mit LeB4(700)-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	Sall/SacI/AscI/HindIII
PUD12 (pUC 19 mit mit USP-OCS1 und mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und (2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/HpaI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
PUDL123 Triple expression cassette (pUC19 mit USP/DC3 und LeB4-700)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und (2) BamHI/ (EcoRV*)/ApaI/NheI/HpaI und (3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	Sall/SacI/AscI/HindIII

* EcoRV Schnittstelle schneidet im 700 Basenpaarfragment des LeB4 Promotors (LeB4-700)

[0137] Analog lassen sich weitere Promotoren für Multigenkonstrukte erzeugen insbesondere unter Verwendung des

- a) 2,7 kB Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
- b) Phaseolin-Promotors oder mithilfe des
- c) konstitutiven v-ATPase c1-Promotors.

[0138] Es kann insbesondere wünschenswert sein, weitere besonders geeignete Promotoren zum Aufbau samenspezifischer Multiexpressionskassetten wie z. B. den Napin-Promotor oder den Arcelin-5 Promotor zu verwenden.

II) Erstellung von Expressionskonstrukten, die Promotor, Terminator und gewünschte Gensequenz zur PUFA Genexpression in pflanzlichen Expressionskassetten enthalten

[0139] In pUT123 wird zunächst über BstXI und XbaI die Δ -6-Elongase Pp_PSE1 in die erste Kassette inseriert. Dann wird die Δ -6-Desaturase aus Moos (Pp_des6) über BamHI/NaeI in die zweite Kassette inseriert und schließlich die Δ -5-Desaturase aus Phaeodactylum (Pt_des5) über BglIII/NcoI in die dritte Kassette inseriert. Das Dreifachkonstrukt erhält den Namen pARA1.

[0140] Unter Berücksichtigung sequenzspezifischer Restriktionsschnittstellen können weitere Expressionskassetten gemäß Tabelle 3 mit der Bezeichnung pARA2, pARA3 und pARA4 erstellt werden.

Tabelle 3

Kombinationen von Desaturasen und Elongasen

Gen Plasmid	Δ -6-Desaturase	Δ -5-Desaturase	Δ -6-Elongase
pARA1	Pp_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
pARA2	Pt_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
pARA3	Pt_des6	Ce_des5	Pp_PSE1
pARA4	Ce_des6	Ce_des5	Ce_PSE1

Pp = Physcomitrella patens, Pt = Phaeodactylum tricornutum

Pp_PSE1 entspricht der Sequenz aus SEQ ID NO: 9.

PSE = PUFA spezifische Δ -6-Elongase

Ce_des5 = Δ -5-Desaturase aus Caenorhabditis elegans (Genbank Acc. Nr. AF 078796)

Ce_des6 = Δ -6-Desaturase aus Caenorhabditis elegans (Genbank Acc. Nr. AF 031477, Basen 11-1342)

Cc_PSE1 = Δ -6-Elongase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank Acc. Nr. AF 244356, Basen 1–867)

[0141] Auch weitere Desaturasen oder Elongasegensequenzen können in Expressionskassetten beschriebener Art inseriert werden wie z. B. Genbank Acc. Nr. AF 231981, NM 013402, AF 206662, AF 268031, AF 226273, AF 110510 oder AF 110509.

iii) Transfer von Expressionskassetten in Vektoren zur Transformation von *Agrobacterium tumefaciens* und zur Transformation von Pflanzen

[0142] Die so erstellten Konstrukte werden mittels *AscI* in den binären Vektor pGPTV inseriert. Die multiple Klonierungssequenz wird zu diesem Zweck um eine *AscI* Schnittstelle erweitert. Zu diesem Zweck wird der Polylinker als zwei doppelsträngige Oligonukleotide neu synthetisiert, wobei eine zusätzliche *AscI* DNA Sequenz eingefügt wird. Das Oligonukleotid wird mittels *EcoRI* und *HindIII* in den Vektor pGPTV inseriert. Die notwendigen Kloniertechniken sind dem Fachmann bekannt und können einfach wie in Beispiel 1 beschrieben nachgelesen werden.

Beispiel 6

Untersuchung der Expression eines rekombinanten Genproduktes in einem transformierten Organismus

[0143] Die Aktivität eines rekombinanten Genproduktes im transformierten Wirtsorganismus kann auf der Transkriptions- und/oder der Translationsebene gemessen werden.

[0144] Ein geeignetes Verfahren zur Bestimmung der Menge an Transkription des Gens (ein Hinweis auf die Menge an RNA, die für die Translation des Genproduktes zur Verfügung steht) ist die Durchführung eines Northern-Blots wie unten ausgeführt (als Bezugsstelle siehe Ausubel et al. (1988) *Current Protocols in Molecular Biology*, Wiley: New York, oder den oben erwähnten Beispielteil), wobei ein Primer, der so gestaltet ist, dass er an das Gen von Interesse bindet, mit einer nachweisbaren Markierung (gewöhnlich radioaktiv oder chemilumineszent) markiert wird, so dass, wenn die Gesamt-RNA einer Kultur des Organismus extrahiert, auf einem Gel aufgetrennt, auf eine stabile Matrix transferiert und mit dieser Sonde inkubiert wird, die Bindung und das Ausmaß der Bindung der Sonde das Vorliegen und auch die Menge der mRNA für dieses Gen anzeigt. Diese Information zeigt den Grad der Transkription des transformierten Gens an. Zelluläre Gesamt-RNA kann aus Zellen, Geweben oder Organen mit mehreren Verfahren, die alle im Fachgebiet bekannt sind, wie zum Beispiel das von Bormann, E. R., et al. (1992) *Mol. Microbiol.* 6: 317–326 beschriebene, präpariert werden.

Northern-Hybridisierung

[0145] Für die RNA-Hybridisierung wurden 20 μ g Gesamt-RNA oder 1 μ g poly(A)⁺-RNA mittels Gelelektrophorese in Agarosegelen mit einer Stärke von 1,25% unter Verwendung von Formaldehyd, wie beschrieben in Amasino (1986, *Anal. Biochem.* 152, 304) aufgetrennt, mittels Kapillaranziehung unter Verwendung von 10 \times SSC auf positiv geladene Nylonmembranen (Hybond N+, Amersham, Braunschweig) übertragen, mittels UV-Licht immobilisiert und 3 Stunden bei 68°C unter Verwendung von Hybridisierungspuffer (10% Dextransulfat Gew./Vol., 1 M NaCl, 1% SDS, 100 mg Heringssperma-DNA) vorhybridisiert. Die Markierung der DNA-Sonde mit dem Highprime DNA labeling-Kit (Roche, Mannheim, Deutschland) erfolgte während der Vorhybridisierung unter Verwendung von alpha-³²P-dCTP (Amersham, Braunschweig, Deutschland). Die Hybridisierung wurde nach Zugabe der markierten DNA-Sonde im gleichen Puffer bei 68°C über Nacht durchgeführt. Die Waschschrte wurden zweimal für 15 min unter Verwendung von 2 \times SSC und zweimal für 30 min unter Verwendung von 1 \times SSC, 1% SDS, bei 68°C durchgeführt. Die Exposition der verschlossenen Filter wurde bei –70°C für einen Zeitraum von 1 bis 14 T durchgeführt.

[0146] Zur Untersuchung des Vorliegens oder der relativen Menge an von dieser mRNA translatiertem Protein können Standardtechniken, wie ein Western-Blot, eingesetzt werden (siehe beispielsweise Ausubel et al. (1988) *Current Protocols in Molecular Biology*, Wiley: New York). Bei diesem Verfahren werden die zellulären Gesamt-Proteine extrahiert, mittels Gelelektrophorese aufgetrennt, auf eine Matrix, wie Nitrozellulose, übertragen und mit einer Sonde, wie einem Antikörper, der spezifisch an das gewünschte Protein bindet, inkubiert. Diese Sonde ist gewöhnlich mit einer chemilumineszenten oder kolorimetrischen Markierung versehen, die sich leicht nachweisen lässt. Das Vorliegen und die Menge der beobachteten Markierung zeigt das Vorliegen und die Menge des gewünschten, in der Zelle vorliegenden mutierten Proteins an.

Beispiel 7

Analyse der Auswirkung der rekombinanten Proteine auf die Produktion des gewünschten Produktes

[0147] Die Auswirkung der genetischen Modifikation in Pflanzen, Pilzen, Algen, Ciliaten oder auf die Produktion einer gewünschten Verbindung (wie einer Fettsäure) kann bestimmt werden, indem die modifizierten Mikroorganismen oder die modifizierte Pflanze unter geeigneten Bedingungen (wie den vorstehend beschriebenen) gezüchtet werden und das Medium und/oder die zellulären Komponenten auf die erhöhte Produktion des gewünschten Produktes (d. h. von Lipiden oder einer Fettsäure) untersucht wird. Diese Analysetechniken sind dem Fachmann bekannt und umfassen Spektroskopie, Dünnschichtchromatographie, Färbefahren verschiedener Art, enzymatische und mikrobiologische Verfahren sowie analytische Chromatographie, wie Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (siehe beispielsweise Ullman, *Encyclopedia of Industrial Chemistry*, Bd. A2, S. 89–90 und S. 443–613, VCH: Weinheim (1985); Fallon, A., et al., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" in: *Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology*, Bd. 17; Rehm et al. (1993) *Biotechnology*, Bd. 3, Kapitel III: "Product recovery and purification", S. 469–714, VCH: Weinheim; Belter, P. A., et al. (1988) *Bioseparations: downstream processing for Biotechnology*, John Wiley and Sons; Ken-

nedy, J. F., und Cabral, J. M. S. (1992) Recovery processes for biological Materials, John Wiley and Sons; Shaciwitz, J. A., und Henry, J. D. (1988) Biochemical Separations, in: Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. B3; Kapitel 11, S. 1–27, VCH: Weinheim; und Dechow, F. J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications).

5 [0148] Neben den oben erwähnten Verfahren werden Pflanzenlipide aus Pflanzenmaterial wie von Cahoon et al. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96 (22): 12935–12940, und Browse et al. (1986) Analytic Biochemistry 152: 141–145, beschrieben extrahiert. Die qualitative und quantitative Lipid- oder Fettsäureanalyse ist beschrieben bei Christie, William W., Advances in Lipid Methodology, Ayr/Scotland: Oily Press (Oily Press Lipid Library; 2); Christie, William W., Gas Chromatography and Lipids. A Practical Guide – Ayr, Scotland: Oily Press, 1989, Repr. 1992, IX, 307 S. (Oily Press Lipid Library; 1); "Progress in Lipid Research, Oxford: Pergamon Press, 1 (1952)–16 (1977) u. d. T.: Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids CODEN.

10 [0149] Zusätzlich zur Messung des Endproduktes der Fermentation ist es auch möglich, andere Komponenten der Stoffwechselwege zu analysieren, die zur Produktion der gewünschten Verbindung verwendet werden, wie Zwischen- und Nebenprodukte, um die Gesamteffizienz der Produktion der Verbindung zu bestimmen. Die Analyseverfahren umfassen Messungen der Nährstoffmengen im Medium (z. B. Zucker, Kohlenwasserstoffe, Stickstoffquellen, Phosphat und andere Ionen), Messungen der Biomassezusammensetzung und des Wachstums, Analyse der Produktion üblicher Metabolite von Biosynthesewegen und Messungen von Gasen, die während der Fermentation erzeugt werden. Standardverfahren für diese Messungen sind in Applied Microbial Physiology; A Practical Approach, P. M. Rhodes und P. F. Stanbury, Hrsgb., IRL Press, S. 103–129; 131–163 und 165–192 (ISBN: 0199635773) und darin angegebenen Literaturstellen beschrieben.

20 [0150] Ein Beispiel ist die Analyse von Fettsäuren (Abkürzungen: FAME, Fettsäuremethylester; GC-MS, Gas-Flüssigkeitschromatographie-Massenspektrometrie; TAG, Triacylglycerin; TLC, Dünnschichtchromatographie).

[0151] Der unzweideutige Nachweis für das Vorliegen von Fettsäureprodukten kann mittels Analyse rekombinanter Organismen nach Standard-Analyseverfahren erhalten werden: GC, GC-MS oder TLC, wie verschiedentlich beschrieben von Christie und den Literaturstellen darin (1997, in: Advances on Lipid Methodology, Vierte Aufl.: Christie, Oily Press, Dundee, 119–169; 1998, Gaschromatographie-Massenspektrometrie-Verfahren, Lipide 33: 343–353).

25 [0152] Das zu analysierende Material kann durch Ultraschallbehandlung, Mahlen in der Glasmühle, flüssigen Stickstoff und Mahlen oder über andere anwendbare Verfahren aufgebrochen werden. Das Material muss nach dem Aufbrechen zentrifugiert werden. Das Sediment wird in Aqua dest. resuspendiert, 10 min bei 100°C erhitzt, auf Eis abgekühlt und erneut zentrifugiert, gefolgt von Extraktion in 0,5 M Schwefelsäure in Methanol mit 2% Dimethoxypropan für 1 Std. bei 90°C, was zu hydrolysierten Öl- und Lipidverbindungen führt, die transmethylierte Lipide ergeben. Diese Fettsäuremethylester werden in Petrolether extrahiert und schließlich einer GC-Analyse unter Verwendung einer Kapillarsäule (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 Mikrom, 0,32 mm) bei einem Temperaturgradienten zwischen 170°C und 240°C für 20 min und 5 min bei 240°C unterworfen. Die Identität der erhaltenen Fettsäuremethylester muss

30 unter Verwendung von Standards, die aus kommerziellen Quellen erhältlich sind (d. h. Sigma), definiert werden. [0153] Bei Fettsäuren, für die keine Standards verfügbar sind, muss die Identität über Derivatisierung und anschließende GC-MS-Analyse gezeigt werden. Beispielsweise muss die Lokalisierung von Fettsäuren mit Dreifachbindung über GC-MS nach Derivatisierung mit 4,4-Dimethoxyoxazolin-Derivaten (Christie, 1998, siehe oben) gezeigt werden.

40 Expressionskonstrukte in heterologen mikrobiellen Systemen

Stämme, Wachstumsbedingungen und Plasmide

45 [0154] Der Escherichia coli-Stamm XL1 Blue MRF⁺ kan (Stratagene) wurde zur Subklonierung der neuen Desaturase pPDesaturase1 aus Physcomitrella patens verwendet. Für die funktionelle Expression dieses Gens verwendeten wir den Saccharomyces cerevisiae-Stamm INVSc 1 (Invitrogen Co.). E. coli wurde in Luria-Bertini-Brühe (LB, Duchefa, Haarlem, Niederlande) bei 37°C kultiviert. Wenn nötig, wurde Ampicillin (100 mg/Liter) zugegeben, und 1,5% Agar (Gew./Vol.) wurde für feste LB-Medien hinzugefügt. S. cerevisiae wurde bei 30°C entweder in YPG-Medium oder in komplettem Minimalmedium ohne Uracil (CMdum; siehe in: Ausubel, F. M., Brent, R., Kingston, R. E., Moore, D. D., Seidman, J. G., Smith, J. A., Struhl, K., Albright, L. B., Coen, D. M., und Varki, A. (1995) Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York) mit entweder 2% (Gew./Vol.) Raffinose oder Glucose kultiviert. Für feste Medien wurden 2% (Gew./Vol.) Bacto™-Agar (Difco) hinzugefügt. Die zur Klonierung und Expression verwendeten Plasmide sind pUC18 (Pharmacia) und pYES2 (Invitrogen Co.).

55 Beispiel 8

Klonierung und Expression PUFA-spezifischer Desaturasen und Elongasen

60 [0155] Für die Expression in Pflanzen wurden cDNA Klone aus SeQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, so modifiziert, dass lediglich die Codierregion mittels Polymerase Kettenreaktion unter Zuhilfenahme zweier Oligonukleotide amplifiziert werden. Dabei wurde darauf geachtet, dass eine Konsensussequenz vor dem Startcodon zur effizienten Translation eingehalten wurde. Entweder wurde hierzu die Basenfolge ATA oder AAA gewählt und vor das ATG in die Sequenz eingefügt (Kozak, M. (1986) Point mutations define a sequence flanking the AUG initiator codon that modulates translation by eukaryotic ribosomes, Cell 44, 283–292). Vor diesem Konsensustriplett wurde zusätzlich eine Restriktionsschnittstelle eingeführt, die kompatibel sein muss zur Schnittstelle des Zielvektors, in den das Fragment kloniert werden soll und mit dessen Hilfe die Genexpression in Mikroorganismen oder Pflanzen erfolgen soll.

65 [0156] Die PCR-Reaktion wurde mit Plasmid-DNA als Matrize in einem Thermocycler (Biometra) mit der Pfu-DNA- (Stratagene) Polymerase und dem folgenden Temperaturprogramm durchgeführt: 3 min bei 96°C, gefolgt von 30 Zyklen

mit 30 s bei 96°C, 30 s bei 55°C und 2 min bei 72°C, 1 Zyklus mit 10 min bei 72°C und Stop bei 4°C. Die Anlagerungstemperatur wurde je nach gewählten Oligonukleotiden variiert. Pro Kilobasenpaare DNA ist von einer Synthesezeit von etwa einer Minute auszugehen. Weitere Parameter, die Einfluss auf die PCR haben wie z. B. Mg-Ionen, Salz, DNA Polymerase etc., sind dem Fachmann auf dem Gebiet geläufig und können nach Bedarf variiert werden.

[0157] Die korrekte Größe des amplifizierten DNA-Fragments wurde mittels Agarose-TBE-Gelelektrophorese bestätigt. Die amplifizierte DNA wurde aus dem Gel mit dem QIAquick-Gelextraktionskit (QIAGEN) extrahiert und in die SmaI-Restriktionsstelle des dephosphorylierten Vektors pUC18 unter Verwendung des Sure Clone Ligations Kit (Pharmacia) ligiert, wobei die pUC-Derivate erhalten wurden. Nach der Transformation von *E. coli* XL1 Blue MRF⁺ kan wurde eine DNA-Minipräparation (Riggs, M. G., & McLachlan, A. (1986) A simplified screening procedure for large numbers of plasmid miniprep. *BioTechniques* 4, 310–313) an ampicillinresistenten Transformanten durchgeführt, und positive Klone mittels BamHI-Restriktionsanalyse identifiziert. Die Sequenz des klonierten PCR-Produktes wurde mittels Resequenzierung unter Verwendung des ABI PRISM Big Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Perkin-Elmer, Weiterstadt) bestätigt.

Fettsäureanalyse

[0158] Die Gesamt-Fettsäuren wurden aus Pflanzensamen extrahiert und mittels Gaschromatographie analysiert.

[0159] Die Samen wurden mit 1% Natriummethanolat in Methanol aufgenommen und 20 min bei RT inkubiert. Anschließend wird mit NaCl Lösung gewaschen und die FAME in 0,3 ml Heptan aufgenommen. Die Proben wurden auf einer ZEBRON-ZB-Wax-Kapillarsäule (30 m, 0,32 mm, 0,25 µm; Phenomenex) in einem Hewlett Packard-6850-Gaschromatograph mit einem Flammenionisationsdetektor aufgetrennt. Die Ofentemperatur wurde von 70°C (1 min halten) bis 200°C mit einer Rate von 20°C/min, dann auf 250°C (5 min halten) mit einer Rate von 5°C/min und schließlich auf 260°C mit einer Rate von 5°C/min programmiert. Stickstoff wurde als Trägergas verwendet (4,5 ml/min bei 70°C). Die Fettsäuren wurden durch Vergleich mit Retentionszeiten von FAME-Standards (SIGMA) identifiziert.

Expressionsanalyse

[0160] Ergebnis der Expression einer *Phaeodactylum tricornutum* Δ -6-Acyl Lipid Desaturase, einer *Phaeodactylum tricornutum* Δ -5-Acyl Lipid Desaturase und der delta-6 spezifischen Elongase in Tabaksamen:

[0161] Fig. 2 Fettsäureprofil von transgenen Tabaksamen. Die Pflanzen wurden mit einer 3-fach Expressionskassette transformiert, die unter der Kontrolle des USP Promotors die delta-6-, die delta-5- und die *Physcomitrella patens* PpPSE1 exprimiert (pARA2). Es wurden 100 transgene Tabak und Leinpflanzen hergestellt, von denen ca. 20% Arachidonsäure im Samen synthetisierten.

[0162] Fig. 3 Tabak Wildtypkontrolle.

Beispiel 9

Reinigung des gewünschten Produktes aus transformierten Organismen

[0163] Die Gewinnung des gewünschten Produktes aus Pflanzenmaterial oder Pilzen, Algen, Ciliaten, tierischen Zellen oder aus dem Überstand der vorstehend beschriebenen Kulturen kann durch verschiedene, im Fachgebiet bekannte Verfahren erfolgen. Wird das gewünschte Produkt nicht aus den Zellen sezerniert, können die Zellen aus der Kultur durch langsame Zentrifugation geerntet werden, die Zellen können durch Standardtechniken, wie mechanische Kraft oder Ultraschallbehandlung, lysiert werden. Organe von Pflanzen können mechanisch von anderem Gewebe oder anderen Organen getrennt werden. Nach der Homogenisation werden die Zelltrümmer durch Zentrifugation entfernt, und die Überstandsfraktion, welche die löslichen Proteine enthält, wird zur weiteren Reinigung der gewünschten Verbindung aufbewahrt. Wird das Produkt aus gewünschten Zellen sezerniert, werden die Zellen durch langsame Zentrifugation aus der Kultur entfernt, und die Überstandsfraktion wird zur weiteren Reinigung aufbewahrt.

[0164] Die Überstandsfraktion aus jedem Reinigungsverfahren wird einer Chromatographie mit einem geeigneten Harz unterworfen, wobei das gewünschte Molekül entweder auf dem Chromatographieharz zurückgehalten wird, viele Verunreinigungen in der Probe jedoch nicht, oder die Verunreinigungen auf dem Harz zurückbleiben, die Probe hingegen nicht. Diese Chromatographieschritte können wenn nötig wiederholt werden, wobei die gleichen oder andere Chromatographieharze verwendet werden. Der Fachmann ist in der Auswahl geeigneter Chromatographieharze und ihrer wirksamsten Anwendung für ein bestimmtes zu reinigendes Molekül bewandert. Das gereinigte Produkt kann durch Filtration oder Ultrafiltration konzentriert und bei einer Temperatur aufbewahrt werden, bei der die Stabilität des Produktes maximal ist.

[0165] Im Fachgebiet ist ein breites Spektrum an Reinigungsverfahren bekannt, und das vorstehende Reinigungsverfahren soll nicht beschränkend sein. Diese Reinigungsverfahren sind zum Beispiel beschrieben in Bailey, J. E., & Ollis, D. F., *Biochemical Engineering Fundamentals*, McGraw-Hill: New York (1986).

[0166] Die Identität und Reinheit der isolierten Verbindungen kann durch Standardtechniken des Fachgebiets bestimmt werden. Dazu gehören Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (HPLC), spektroskopische Verfahren, Färbefahren, Dünnschichtchromatographie, insbesondere Dünnschichtchromatographie und Flammenionisationsdetektion (IA-TROSCAN, Iatron, Tokio, Japan), NIRS, Enzymtest oder mikrobiologisch. Eine Übersicht über diese Analyseverfahren siehe in: Patek et al. (1994) *Appl. Environ. Microbiol.* 60: 133–140; Malakhova et al. (1996) *Biotekhnologiia* 11: 27–32; und Schmidt et al. (1998) *Bioprocess Engineer.* 19: 67–70. *Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry* (1996) Bd. A27, VCH: Weinheim, S. 89–90, S. 521–540, S. 540–547, S. 559–566, 575–581 und S. 581–587; Michal, G (1999) *Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology*, John Wiley and Sons; Fallon, A., et al. (1987) *Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology*, Bd. 17.

Äquivalente

[0167] Der Fachmann erkennt oder kann viele Äquivalente der hier beschriebenen erfindungsgemäßen spezifischen Ausführungsformen feststellen, indem er lediglich Routineexperimente verwendet. Diese Äquivalente sollen von den Patentansprüchen umfasst sein.

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

DE 102 19 203 A 1

SEQUENZPROTOKOLL

<110> BASF Plant Science GmbH

<120> Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter
Fettsäuren in Pflanzen

<130> 2002/271

<140> 2002_271

<141> 2002-04-26

<160> 64

<170> PatentIn Vers. 2.0

<210> 1

<211> 1687

<212> DNA

<213> Borago officinalis

<220>

<221> CDS

<222> (42)..(1388)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 1

tatctgccta cctcccaaa gagagtagtc atttttcac a atg gct gct caa atc 56

Met Ala Ala Gln Ile

1 5

aag aaa tac att acc tca gat gaa ctc aag aac cac gat aaa ccc gga 104

Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn His Asp Lys Pro Gly

10 15 20

gat cta tgg atc tcg att caa ggg aaa gcc tat gat gtt tcg gat tgg 152

Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr Asp Val Ser Asp Trp

25 30 35

gtg aaa gac cat cca ggt ggc agc ttt ccc ttg aag agt ctt gct ggt 200

65

DE 102 19 203 A 1

Val	Lys	Asp	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Phe	Pro	Leu	Lys	Ser	Leu	Ala	Gly		
40				45				50									
5																	
caa	gag	gta	act	gat	gca	ttt	gtt	gca	ttc	cat	cct	gcc	tct	aca	tgg	248	
Gln	Glu	Val	Thr	Asp	Ala	Phe	Val	Ala	Phe	His	Pro	Ala	Ser	Thr	Trp		
10	55				60				65								
aag	aat	ctt	gat	aag	ttt	ttc	act	ggg	tat	tat	ctt	aaa	gat	tac	tct	296	
15	Lys	Asn	Leu	Asp	Lys	Phe	Phe	Thr	Gly	Tyr	Tyr	Leu	Lys	Asp	Tyr	Ser	
	70				75				80				85				
20	gtt	tct	gag	gtt	tct	aaa	gat	tat	agg	aag	ctt	gtg	ttt	gag	ttt	tct	344
	Val	Ser	Glu	Val	Ser	Lys	Asp	Tyr	Arg	Lys	Leu	Val	Phe	Glu	Phe	Ser	
					90				95				100				
25	aaa	atg	ggt	ttg	tat	gac	aaa	aaa	ggt	cat	att	atg	ttt	gca	act	ttg	392
	Lys	Met	Gly	Leu	Tyr	Asp	Lys	Lys	Gly	His	Ile	Met	Phe	Ala	Thr	Leu	
	105				110				115								
30																	
tgc	ttt	ata	gca	atg	ctg	ttt	gct	atg	agt	gtt	tat	ggg	gtt	ttg	ttt	440	
35	Cys	Phe	Ile	Ala	Met	Leu	Phe	Ala	Met	Ser	Val	Tyr	Gly	Val	Leu	Phe	
	120				125				130								
40	tgt	gag	ggt	gtt	ttg	gta	cat	ttg	ttt	tct	ggg	tgt	ttg	atg	ggg	ttt	488
	Cys	Glu	Gly	Val	Leu	Val	His	Leu	Phe	Ser	Gly	Cys	Leu	Met	Gly	Phe	
	135				140				145								
45	ctt	tgg	att	cag	agt	ggt	tgg	att	gga	cat	gat	gct	ggg	cat	tat	atg	536
	Leu	Trp	Ile	Gln	Ser	Gly	Trp	Ile	Gly	His	Asp	Ala	Gly	His	Tyr	Met	
	150				155				160				165				
50																	
gta	gtg	tct	gat	tca	agg	ctt	aat	aag	ttt	atg	ggt	att	ttt	gct	gca	584	
55	Val	Val	Ser	Asp	Ser	Arg	Leu	Asn	Lys	Phe	Met	Gly	Ile	Phe	Ala	Ala	
					170				175				180				
60	aat	tgt	ctt	tca	gga	ata	agt	att	ggt	tgg	tgg	aaa	tgg	aac	cat	aat	632
	Asn	Cys	Leu	Ser	Gly	Ile	Ser	Ile	Gly	Trp	Trp	Lys	Trp	Asn	His	Asn	
	185				190				195								
65	gca	cat	cac	att	gcc	tgt	aat	agc	ctt	gaa	tat	gac	cct	gat	tta	caa	680

DE 102 19 203 A 1

Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr Asp Pro Asp Leu Gln

200

205

210

tat ata cca ttc ctt gtt gtg tct tcc aag ttt ttt ggt tca ctc acc 728

Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe Phe Gly Ser Leu Thr

215

220

225

tct cat ttc tat gag aaa agg ttg act ttt gac tct tta tca aga ttc 776

Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp Ser Leu Ser Arg Phe

230

235

240

245

ttt gta agt tat caa cat tgg aca ttt tac cct att atg tgt gct gct 824

Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro Ile Met Cys Ala Ala

250

255

260

agg ctc aat atg tat gta caa tct ctc ata atg ttg ttg acc aag aga 872

Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met Leu Leu Thr Lys Arg

265

270

275

aat gtg tcc tat cga gct cat gaa ctc ttg gga tgc cta gtg ttc tcg 920

Asn Val Ser Tyr Arg Ala His Glu Leu Leu Gly Cys Leu Val Phe Ser

280

285

290

att tgg tac ccg ttg ctt gtt tct tgt ttg cct aat tgg ggt gaa aga 968

Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro Asn Trp Gly Glu Arg

295

300

305

att atg ttt gtt att gca agt ttg tca gtg act gga atg caa caa gtt 1016

Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr Gly Met Gln Gln Val

310

315

320

325

cag ttc tcc ttg aac cac ttc tct tca agt gtt tat gtt gga aag cct 1064

Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val Tyr Val Gly Lys Pro

330

335

340

aaa ggg aat aat tgg ttt gag aaa caa acg gat ggg aca ctt gac att 1112

Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp Gly Thr Leu Asp Ile

345

350

355

tct tgt cct cct tgg atg gat tgg ttt cat ggt gga ttg caa ttc caa 1160

DE 102 19 203 A 1

	Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln	
	360	370
5		
	att gag cat cat ttg ttt ccc aag atg cct aga tgc aac ctt agg aaa	1208
	Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg Cys Asn Leu Arg Lys	
10	375	385
	atc tcg ccc tac gtg atc gag tta tgc aag aaa cat aat ttg cct tac	1256
15	Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr	
	390	405
20	aat tat gca tct ttc tcc aag gcc aat gaa atg aca ctc aga aca ttg	1304
	Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met Thr Leu Arg Thr Leu	
	410	420
25		
	agg aac aca gca ttg cag gct agg gat ata acc aag ccg ctc ccg aag	1352
	Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr Lys Pro Leu Pro Lys	
30	425	435
	aat ttg gta tgg gaa gct ctt cac act cat ggt taa aattaccctt	1398
35	Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly	
	440	445
40	agttcatgta ataatttgag attatgtatc tcctatgttt gtgtcttgtc ttggttctac	1458
	ttgttgaggat cattgcaact tgtcttttat ggtttattag atgtttttta atatatttta	1518
45		
	gaggttttgc tttcatctcc attattgatg aataaggagt tgcattattgt caattgttgt	1578
50	gctcaatatc tgatattttg gaatgtactt tgtaccactg tgttttcagt tgaagctcat	1638
	gtgtacttct atagactttg tttaaatggt tatgaaaaaa aaaaaaaaaa	1687
55		
	<210> 2	
	<211> 448	
60	<212> PRT	
	<213> Borago officinalis	
65	<400> 2	

DE 102 19 203 A 1

Met	Ala	Ala	Gln	Ile	Lys	Lys	Tyr	Ile	Thr	Ser	Asp	Glu	Leu	Lys	Asn	
1				5				10					15			
His	Asp	Lys	Pro	Gly	Asp	Leu	Trp	Ile	Ser	Ile	Gln	Gly	Lys	Ala	Tyr	5
			20					25					30			
Asp	Val	Ser	Asp	Trp	Val	Lys	Asp	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Phe	Pro	Leu	10
		35					40					45				
Lys	Ser	Leu	Ala	Gly	Gln	Glu	Val	Thr	Asp	Ala	Phe	Val	Ala	Phe	His	15
	50					55					60					
Pro	Ala	Ser	Thr	Trp	Lys	Asn	Leu	Asp	Lys	Phe	Phe	Thr	Gly	Tyr	Tyr	20
	65				70					75				80		
Leu	Lys	Asp	Tyr	Ser	Val	Ser	Glu	Val	Ser	Lys	Asp	Tyr	Arg	Lys	Leu	25
				85					90					95		
Val	Phe	Glu	Phe	Ser	Lys	Met	Gly	Leu	Tyr	Asp	Lys	Lys	Gly	His	Ile	30
				100				105					110			
Met	Phe	Ala	Thr	Leu	Cys	Phe	Ile	Ala	Met	Leu	Phe	Ala	Met	Ser	Val	35
		115					120					125				
Tyr	Gly	Val	Leu	Phe	Cys	Glu	Gly	Val	Leu	Val	His	Leu	Phe	Ser	Gly	40
	130					135					140					
Cys	Leu	Met	Gly	Phe	Leu	Trp	Ile	Gln	Ser	Gly	Trp	Ile	Gly	His	Asp	45
145					150					155				160		
Ala	Gly	His	Tyr	Met	Val	Val	Ser	Asp	Ser	Arg	Leu	Asn	Lys	Phe	Met	50
				165				170					175			
Gly	Ile	Phe	Ala	Ala	Asn	Cys	Leu	Ser	Gly	Ile	Ser	Ile	Gly	Trp	Trp	55
			180					185					190			
Lys	Trp	Asn	His	Asn	Ala	His	His	Ile	Ala	Cys	Asn	Ser	Leu	Glu	Tyr	60
		195				200					205					
Asp	Pro	Asp	Leu	Gln	Tyr	Ile	Pro	Phe	Leu	Val	Val	Ser	Ser	Lys	Phe	65

DE 102 19 203 A 1

	210	215	220
5	Phe Gly Ser Leu Thr Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp		
	225	230	235 240
10	Ser Leu Ser Arg Phe Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro		
	245	250	255
15	Ile Met Cys Ala Ala Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met		
	260	265	270
20	Leu Leu Thr Lys Arg Asn Val Ser Tyr Arg Ala His Glu Leu Leu Gly		
	275	280	285
25	Cys Leu Val Phe Ser Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro		
	290	295	300
30	Asn Trp Gly Glu Arg Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr		
	305	310	315 320
35	Gly Met Gln Gln Val Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val		
	325	330	335
40	Tyr Val Gly Lys Pro Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp		
	340	345	350
45	Gly Thr Leu Asp Ile Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly		
	355	360	365
50	Gly Leu Gln Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg		
	370	375	380
55	Cys Asn Leu Arg Lys Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys		
	385	390	395 400
60	His Asn Leu Pro Tyr Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met		
	405	410	415
65	Thr Leu Arg Thr Leu Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr		
	420	425	430

DE 102 19 203 A 1

Lys Pro Leu Pro Lys Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly

435

440

445

5

<210> 3

<211> 1192

10

<212> DNA

<213> Physcomitrella patens

15

<220>

<221> CDS

<222> (58)..(930)

20

<223> Delta-6-Elongase

<400> 3

25

ctgcttcgtc tcattctggg ggtgtgattc gggagtgggt tgagttggtg gagcgca 57

atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag ttg gat ggg aag gtc tcg 105

30

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser

1

5

10

15

35

cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt ggg gtg gag ttg acg gat 153

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp

20

25

30

40

acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt gac agt ccc aca ccc atc 201

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile

35

40

45

45

gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att gtc att gga ggg ctt ttg 249

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu

50

55

60

50

tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc gcc tcg gag cca ttt ttg 297

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu

65

70

75

80

55

60

ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg ttc tgt ttt gcg ctc agt 345

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser

65

DE 102 19 203 A 1

	85	90	95	
5	ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag gct att acc tgg cgg tac			393
	Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr			
	100	105	110	
10	tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa cat aaa gag atg gcg att			441
	Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile			
	115	120	125	
15				
	ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac gtg gaa ttc atg gat acc			489
	Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr			
20	130	135	140	
25	gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg caa ata agc ttc ctc cac			537
	Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His			
	145	150	155	160
30				
	gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att tgg tgg gct att gct cat			585
	Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His			
	165	170	175	
35				
	cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct gcg gct ctg aac tca gga			633
	His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly			
40	180	185	190	
45	gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc ttg gct gcc tgc ctt cga			681
	Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg			
	195	200	205	
50				
	agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt ttt tgg ggc agg tac ttg			729
	Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu			
	210	215	220	
55				
	aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg aac tta gtg cag gct tac			777
	Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr			
60	225	230	235	240
	tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca caa tgg ctg atc aag att			825
65	Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile			

DE 102 19 203 A 1

245	250	255		
ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt ctt ttc ggc aat ttt tac	873	5		
Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr				
260	265	270		
gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga aag caa aag gga gct aaa	921	10		
Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys				
275	280	285		15
act gag tga gctgtatcaa gccatagaaa ctctattatg ttagaacctg	970			
Thr Glu		20		
290				
aagttggtgc tttcttatct ccacttatct ttttaagcagc atcagttttg aaatgatgtg	1030	25		
tgggcgtggt ctgcaagtag tcatcaatat aatcggcctg agcacttcag atggattgtt	1090			
agaacatgag taaaagcgggt tattacgggtg tttattttgt accaaatcac cgcacggggtg	1150	30		
aattgaaata tttcagattt gatcaatttc atctgaaaaa aa	1192	35		
<210> 4		40		
<211> 290				
<212> PRT				
<213> Physcomitrella patens		45		
<400> 4				
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser		50		
1	5	10	15	
Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp		55		
20	25	30		
Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile		60		
35	40	45		
Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu		65		
50	55	60		

DE 102 19 203 A 1

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
 65 70 75 80
 5 Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
 85 90 95
 10 Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
 100 105 110
 15 Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
 115 120 125
 20 Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
 130 135 140
 25 Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
 145 150 155 160
 30 Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
 165 170 175
 35 His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
 180 185 190
 40 Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
 195 200 205
 45 Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
 210 215 220
 50 Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
 225 230 235 240
 55 Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
 245 250 255
 60 Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
 260 265 270

65

DE 102 19 203 A 1

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys

275

280

285

Thr Glu

290

<210> 5

<211> 1054

<212> DNA

<213> Thraustochytrium

<220>

<221> CDS

<222> (43)..(858)

<223> Delta-6-Elongase

<400> 5

gaattcggca cgagagcgcg cggagcggag acctcggccg cg atg atg gag ccg 54

Met Met Glu Pro

1

ctc gac agg tac agg gcg ctg gcg gag ctc gcc gcg agg tac gcc agc 102

Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala Arg Tyr Ala Ser

5

10

15

20

tgc gcg gcc ttc aag tgg caa gtc acg tac gac gcc aag gac agc ttc 150

Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala Lys Asp Ser Phe

25

30

35

gtc ggg ccc ctg gga atc cgg gag ccg ctc ggg ctc ctg gtg ggc tcc 198

Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu Leu Val Gly Ser

40

45

50

gtg gtc ctc tac ctg agc ctg ctg gcc gtg gtc tac gcg ctg cgg aac 246

Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr Ala Leu Arg Asn

55

60

65

tac ctt ggc ggc ctc atg gcg ctc cgc agc gtg cat aac ctc ggg ctc 294

Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His Asn Leu Gly Leu

DE 102 19 203 A 1

	70	75	80	
5	tgc ctc ttc tgc ggc gcc gtg tgg atc tac acg agc tac ctc atg atc			342
	Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser Tyr Leu Met Ile			
	85	90	95	100
10	cag gat ggg cac ttt cgc agc ctc gag gcg gca acg tgc gag ccg ctc			390
	Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr Cys Glu Pro Leu			
		105	110	115
15	aag cat ccg cac ttc cag ctc atc agc ttg ctc ttt gcg ctg tcc aag			438
	Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe Ala Leu Ser Lys			
20		120	125	130
25	atc tgg gag tgg ttc gac acg gtg ctc ctc atc gtc aag ggc aac aag			486
	Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val Lys Gly Asn Lys			
	135	140	145	
30	ctc cgc ttc ctg cac gtc ttg cac cac gcc acg acc ttt tgg ctc tac			534
	Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr Phe Trp Leu Tyr			
	150	155	160	
35	gcc atc gac cac atc ttt ctc tgc tcc atc aag tac ggc gtc gcg gtc			582
	Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr Gly Val Ala Val			
40	165	170	175	180
45	aat gct ttc atc cac acc gtc atg tac gcg cac tac ttc cgc cca ttc			630
	Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr Phe Arg Pro Phe			
		185	190	195
50	ccg aag ggc ttg cgc ccg ctt att acg cag ttg cag atc gtc cag ttc			678
	Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln Ile Val Gln Phe			
		200	205	210
55	att ttc agc atc ggc atc cat acc gcc att tac tgg cac tac gac tgc			726
	Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp His Tyr Asp Cys			
60		215	220	225
65	gag ccg ctc gtg cat acc cac ttt tgg gaa tac gtc acg ccc tac ctt			774
	Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val Thr Pro Tyr Leu			

DE 102 19 203 A 1

230	235	240		
ttc gtc gtg ccc ttc ctc atc ctc ttt ttc aat ttt tac ctg cag cag	822	5		
Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe Tyr Leu Gln Gln				
245	250	255	260	
tac gtc ctc gcg ccc gca aaa acc aag aag gca tag ccacgtaaca	868	10		
Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala				
265	270			15
gtagaccagc agcgccgagg acgcgtgccg cgttatcgcg aagcacgaaa taaagaagat	928			
catttgattc aacgaggcta cttgcggcca cgagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa	988	20		
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa	1048	25		
ctcgag	1054			
		30		
<210> 6				
<211> 271		35		
<212> PRT				
<213> Thraustochytrium				
		40		
<400> 6				
Met Met Glu Pro Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala				
1	5	10	15	45
Arg Tyr Ala Ser Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala				
20	25	30		50
Lys Asp Ser Phe Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu				
35	40	45		55
Leu Val Gly Ser Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr				
50	55	60		60
Ala Leu Arg Asn Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His				
65	70	75	80	65

DE 102 19 203 A 1

Asn Leu Gly Leu Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser
85 90 95

5

Tyr Leu Met Ile Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr
100 105 110

10

Cys Glu Pro Leu Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe
115 120 125

15

Ala Leu Ser Lys Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val
130 135 140

20

Lys Gly Asn Lys Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr
145 150 155 160

25

Phe Trp Leu Tyr Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr
165 170 175

30

Gly Val Ala Val Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr
180 185 190

35

Phe Arg Pro Phe Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln
195 200 205

40

Ile Val Gln Phe Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp
210 215 220

45

His Tyr Asp Cys Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val
225 230 235 240

50

Thr Pro Tyr Leu Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe
245 250 255

55

Tyr Leu Gln Gln Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala
260 265 270

60

<210> 7

<211> 2040

65

<212> DNA

DE 102 19 203 A 1

<213> Ceratodon purpureus

<220>

<221> CDS

<222> (176)..(1627)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 7

ctcaggcagg tctcagttga tgagacgctg agttctgaat cctttgagct gtgtcaggct 60

cggcacttgt gggatgggtga aggagtgatc gatcaggagt gcaggagctg cattagtttc 120

tcagggtcga tcagggttatt ctgaaaaagg ctgcgtctgt gagcagtttg caaaa atg 178

Met

1

gcc ctc gtt acc gac ttt ctg aac ttt ctg ggc acg aca tgg agc aag 226

Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser Lys

5

10

15

tac agc gtg tac acc cat agc tat gct gga aac tat ggg cct act ttg 274

Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr Leu

20

25

30

aag cac gcc aaa aag gtt tct gct caa ggt aaa act gcg gga cag aca 322

Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln Thr

35

40

45

ctg aga cag aga tcg gtg cag gac aaa aag cca ggc act tac tct ctg 370

Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser Leu

50

55

60

65

gcc gat gtt gct tct cac gac agg cct gga gac tgc tgg atg atc gtc 418

Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile Val

70

75

80

aaa gag aag gtg tat gat att agc cgt ttt gcg gac gac cac cct gga 466

Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro Gly

85

90

95

DE 102 19 203 A 1

5 100 105 110 514
 ggg acg gta att agc acc tac ttt ggg cgg gat ggc aca gac gtt ttc
 Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe

 10 115 120 125 562
 gca aca ttc cat cca cct gcc gca tgg aag caa ctc aat gac tac tac
 Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr Tyr

 15 130 135 140 145 610
 att gga gac ctt gct agg gaa gag ccc ctt gat gaa ttg ctt aaa gac
 Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys Asp

 20 150 155 160 658
 tac aga gat atg aga gcc gag ttt gtt aga gaa ggg ctt ttc aag agt
 Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys Ser

 25 165 170 175 706
 tcc aag gcc tgg ttc ctg ctt cag act ctg att aat gca gct ctc ttt
 Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu Phe

 30 180 185 190 754
 gct gcg agc att gcg act atc tgt tac gac aag agt tac tgg gct att
 Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala Ile

 35 195 200 205 802
 gtg ctg tca gcc agt ttg atg ggt ctc ttc gtc caa cag tgt gga tgg
 Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly Trp

 40 210 215 220 225 850
 ctt gcc cat gat ttc ctt cat caa cag gtc ttt gag aac cgt acc gcg
 Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr Ala

 45 230 235 240 898
 aac tcc ttc ttt ggc tat ttg ttc ggc aat tgc gtg ctt ggc ttt agt
 Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe Ser

 50 245 250 255 946
 gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act gct ccg aat
 Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro Asn

 55 260 265 270 998
 gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act gct ccg aat
 Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro Asn

DE 102 19 203 A 1

gag tgc gac gaa cag tac aca cct cta gac gaa gac att gat act ctc	994	
Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu		
260 265 270		5
ccc atc att gcc tgg agc aag gaa att ttg gcc acc gtt gag agc aag	1042	
Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser Lys		10
275 280 285		
aga att ttg cga gtg ctt caa tat cag cac tac atg att ctg cct cta	1090	15
Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro Leu		
290 295 300 305		
ttg ttc atg gcc cgg tac agt tgg act ttt gga agt ttg ctc ttc aca	1138	20
Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe Thr		
310 315 320		25
ttc aat cct gat ttg agc acg acc aag gga ttg ata gag aag gga aca	1186	
Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly Thr		30
325 330 335		
gtt gct ttt cac tac gcc tgg ttc agt tgg gct gcg ttc cat att ttg	1234	35
Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile Leu		
340 345 350		
ccg ggt gtc gct aag cct ctt gcg tgg atg gta gca act gag ctt gtg	1282	40
Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu Val		
355 360 365		45
gcc ggt ttg ttg ttg gga ttc gtg ttt acg ttg agt cac aat gga aag	1330	
Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly Lys		50
370 375 380 385		
gag gtt tac aat gaa tcg aag gac ttc gtg aga gcc cag gtt att acc	1378	55
Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile Thr		
390 395 400		
acc cgt aac acc aag cga ggc tgg ttc aac gat tgg ttc act ggg gga	1426	60
Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly		
405 410 415		65

DE 102 19 203 A 1

ctc gac acc cag att gag cat cac ctg ttt cca aca atg ccc agg cac 1474
 Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His
 5 420 425 430

 aac tac ccc aag atc gca cct cag gtc gag gct ctt tgc aag aag cac 1522
 10 Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys His
 435 440 445

 ggc ctc gag tac gat aat gtc tcc gtc gtt ggt gcc tct gtc gcg gtt 1570
 Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala Val
 15 450 455 460 465

 gtg aag gcg ctc aag gaa att gct gat gaa gcg tca att cgg ctt cac 1618
 Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu His
 20 470 475 480

 gct cac taa gaaatcgctg aactttgact attcattttt ttcgcctggc 1667
 30 Ala His

 tacctcaaat gttcgggagc aggtgcttgg cagtgtgttc aaccggagcg cactgaaaat 1727
 35 gtgcagaatc catttccaga aattaccatt cctagctaaa ttttcttttt accaggtcgg 1787

 atatatgaaa cttttttgat gcaacaagta gcattcaatt gaagacattg ttcgagatat 1847
 40 aattcgcagt gtttctattc agcgggcata cgtactagtc catatcggcg gttgccgaga 1907

 gtttacatta ttagttggca caacgagtag atctagtgtgta aatttctatt tccgcatgta 1967
 45 atattactct gaatatatac cgttatctat tttcctaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2027
 50 aaaaaaaaaa aaa 2040
 55

 <210> 8
 <211> 483
 60 <212> PRT
 <213> Ceratodon purpureus
 65 <400> 8

DE 102 19 203 A 1

Met	Ala	Leu	Val	Thr	Asp	Phe	Leu	Asn	Phe	Leu	Gly	Thr	Thr	Trp	Ser	5
1				5						10				15		
Lys	Tyr	Ser	Val	Tyr	Thr	His	Ser	Tyr	Ala	Gly	Asn	Tyr	Gly	Pro	Thr	10
			20					25					30			
Leu	Lys	His	Ala	Lys	Lys	Val	Ser	Ala	Gln	Gly	Lys	Thr	Ala	Gly	Gln	15
			35				40					45				
Thr	Leu	Arg	Gln	Arg	Ser	Val	Gln	Asp	Lys	Lys	Pro	Gly	Thr	Tyr	Ser	20
			50			55					60					
Leu	Ala	Asp	Val	Ala	Ser	His	Asp	Arg	Pro	Gly	Asp	Cys	Trp	Met	Ile	25
	65				70					75				80		
Val	Lys	Glu	Lys	Val	Tyr	Asp	Ile	Ser	Arg	Phe	Ala	Asp	Asp	His	Pro	30
				85					90					95		
Gly	Gly	Thr	Val	Ile	Ser	Thr	Tyr	Phe	Gly	Arg	Asp	Gly	Thr	Asp	Val	35
			100					105					110			
Phe	Ala	Thr	Phe	His	Pro	Pro	Ala	Ala	Trp	Lys	Gln	Leu	Asn	Asp	Tyr	40
		115					120					125				
Tyr	Ile	Gly	Asp	Leu	Ala	Arg	Glu	Glu	Pro	Leu	Asp	Glu	Leu	Leu	Lys	45
		130				135					140					
Asp	Tyr	Arg	Asp	Met	Arg	Ala	Glu	Phe	Val	Arg	Glu	Gly	Leu	Phe	Lys	50
145					150					155				160		
Ser	Ser	Lys	Ala	Trp	Phe	Leu	Leu	Gln	Thr	Leu	Ile	Asn	Ala	Ala	Leu	55
				165				170					175			
Phe	Ala	Ala	Ser	Ile	Ala	Thr	Ile	Cys	Tyr	Asp	Lys	Ser	Tyr	Trp	Ala	60
			180					185					190			
Ile	Val	Leu	Ser	Ala	Ser	Leu	Met	Gly	Leu	Phe	Val	Gln	Gln	Cys	Gly	65
		195				200						205				
Trp	Leu	Ala	His	Asp	Phe	Leu	His	Gln	Gln	Val	Phe	Glu	Asn	Arg	Thr	

DE 102 19 203 A 1

	210	215	220	
5	Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe			
	225	230	235	240
10	Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro			
		245	250	255
15	Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr			
		260	265	270
20	Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser			
		275	280	285
25	Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro			
		290	295	300
30	Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe			
		305	310	315
35	Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly			
		325	330	335
40	Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile			
		340	345	350
45	Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu			
		355	360	365
50	Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly			
		370	375	380
55	Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile			
		385	390	395
60	Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly			
		405	410	415
65	Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg			
		420	425	430

DE 102 19 203 A 1

His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys
 435 440 445

His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala
 450 455 460

Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu
 465 470 475 480

His Ala His

<210> 9

<211> 1467

<212> DNA

<213> Ceratodon purpureus

<220>

<221> CDS

<222> (10)..(1461)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 9

ggatccaaa atg gcc ctc gtt acc gac ttt ctg aac ttt ctg ggc acg aca 51

Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr

1

5

10

tgg agc aag tac agc gtg tac acc cat agc tat gct gga aac tat ggg 99

Trp Ser Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly

15

20

25

30

cct act ttg aag cac gcc aaa aag gtt tct gct caa ggt aaa act gcg 147

Pro Thr Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala

35

40

45

gga cag aca ctg aga cag aga tcg gtg cag gac aaa aag cca ggc act 195

Gly Gln Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr

50

55

60

DE 102 19 203 A 1

	tac tct ctg gcc gat gtt gct tct cac gac agg cct gga gac tgc tgg	243
	Tyr Ser Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp	
5	65 70 75	
	atg atc gtc aaa gag aag gtg tat gat att agc cgt ttt gcg gac gac	291
10	Met Ile Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp	
	80 85 90	
	cac cct gga ggg acg gta att agc acc tac ttt ggg cgg gat ggc aca	339
15	His Pro Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr	
	95 100 105 110	
	gac gtt ttc gca aca ttc cat cca cct gcc gca tgg aag caa ctc aat	387
20	Asp Val Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn	
	115 120 125	
25		
	gac tac tac att gga gac ctt gct agg gaa gag ccc ctt gat gaa ttg	435
30	Asp Tyr Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu	
	130 135 140	
	ctt aaa gac tac aga gat atg aga gcc gag ttt gtt aga gaa ggg ctt	483
35	Leu Lys Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu	
	145 150 155	
	ttc aag agt tcc aag gcc tgg ttc ctg ctt cag act ctg att aat gca	531
40	Phe Lys Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala	
	160 165 170	
45		
	gct ctc ttt gct gcg agc att gcg act atc tgt tac gac aag agt tac	579
50	Ala Leu Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr	
	175 180 185 190	
	tgg gct att gtg ctg tca gcc agt ttg atg ggt ctc ttc gtc caa cag	627
55	Trp Ala Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln	
	195 200 205	
	tgt gga tgg ctt gcc cat gat ttc ctt cat caa cag gtc ttt gag aac	675
60	Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn	
	210 215 220	
65		

DE 102 19 203 A 1

cgt acc gcg aac tcc ttc ttt ggc tat ttg ttc ggc aat tgc gtg ctt	723	
Arg Thr Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu		
225 230 235		5
ggc ttt agt gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act	771	
Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr		10
240 245 250		
gct ccg aat gag tgc gac gaa cag tac aca cct cta gac gaa gac att	819	15
Ala Pro Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile		
255 260 265 270		
gat act ctc ccc atc att gcc tgg agc aag gaa att ttg gcc acc gtt	867	20
Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val		
275 280 285		25
gag agc aag aga att ttg cga gtg ctt caa tat cag cac tac atg att	915	
Glu Ser Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile		30
290 295 300		
ctg cct cta ttg ttc atg gcc cgg tac agt tgg act ttt gga agt ttg	963	35
Leu Pro Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu		
305 310 315		
ctc ttc aca ttc aat cct gat ttg agc acg acc aag gga ttg ata gag	1011	40
Leu Phe Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu		
320 325 330		45
aag gga aca gtt gct ttt cac tac gcc tgg ttc agt tgg gct gcg ttc	1059	
Lys Gly Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe		50
335 340 345 350		
cat att ttg ccg ggt gtc gct aag cct ctt gcg tgg atg gta gca act	1107	55
His Ile Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr		
355 360 365		
gag ctt gtg gcc ggt ttg ttg ttg gga ttc gtg ttt acg ttg agt cac	1155	60
Glu Leu Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His		
370 375 380		65

DE 102 19 203 A 1

aat gga aag gag gtt tac aat gaa tcg aag gac ttc gtg aga gcc cag 1203
 Asn Gly Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln
 5 385 390 395

 gtt att acc acc cgt aac acc aag cga ggc tgg ttc aac gat tgg ttc 1251
 10 Val Ile Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe
 400 405 410

 act ggg gga ctc gac acc cag att gag cat cac ctg ttt cca aca atg 1299
 15 Thr Gly Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met
 415 420 425 430

 ccc agg cac aac tac ccc aag atc gca cct cag gtc gag gct ctt tgc 1347
 20 Pro Arg His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys
 435 440 445
 25

 aag aag cac ggc ctc gag tac gat aat gtc tcc gtc gtt ggt gcc tct 1395
 30 Lys Lys His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser
 450 455 460

 gtc gcg gtt gtg aag gcg ctc aag gaa att gct gat gaa gcg tca att 1443
 35 Val Ala Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile
 465 470 475

 cgg ctt cac gct cac taa gtcgac 1467
 40 Arg Leu His Ala His
 45 480

 <210> 10
 50 <211> 483
 <212> PRT
 <213> Ceratodon purpureus
 55

 <400> 10
 Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser
 60 1 5 10 15

 Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr
 65 20 25 30

DE 102 19 203 A 1

Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln	35	40	45
Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser	50	55	60
Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile	65	70	75 80
Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro	85	90	95
Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val	100	105	110
Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr	115	120	125
Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys	130	135	140
Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys	145	150	155 160
Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu	165	170	175
Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala	180	185	190
Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly	195	200	205
Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr	210	215	220
Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe	225	230	235 240

DE 102 19 203 A 1

Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro
 245 250 255
 5 Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr
 260 265 270
 10 Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser
 275 280 285
 15 Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro
 290 295 300
 20 Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe
 305 310 315 320
 25 Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly
 325 330 335
 30 Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile
 340 345 350
 35 Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu
 355 360 365
 40 Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly
 370 375 380
 45 Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile
 385 390 395 400
 50 Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly
 405 410 415
 55 Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg
 420 425 430
 60 His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys
 435 440 445
 65 His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala

DE 102 19 203 A 1

450	455	460	
Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu			5
465	470	475	480
His Ala His			10
<210> 11			15
<211> 2160			
<212> DNA			
<213> Ceratodon purpureus			20
<220>			
<221> CDS			25
<222> (159)..(1721)			
<223> Delta-6-Desaturase			30
<400> 11			
cggaggtctc ttgtcgttct tggagtctgt gtcgagcttg gaatgcggta ggcgcggccg	60		
tttcgtgggtt ttggcgttgg cattgcgcga gggcggacag tgggagtgcg ggaggtctgt	120		
ttgtgcatga cgaggtgggt gtaatcttcg ccggcaga atg gtg tcc cag ggc ggc	176		40
Met Val Ser Gln Gly Gly			
1	5		
ggt ctc tcg cag ggt tcc att gaa gaa aac att gac gtt gag cac ttg	224		45
Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Leu			
10	15	20	50
gca acg atg ccc ctc gtc agt gac ttc cta aat gtc ctg gga acg act	272		
Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu Asn Val Leu Gly Thr Thr			55
25	30	35	
ttg ggc cag tgg agt ctt tcc act aca ttc gct ttc aag agg ctc acg	320		
Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe Ala Phe Lys Arg Leu Thr			60
40	45	50	
act aag aaa cac agt tcg gac atc tcg gtg gag gca caa aaa gaa tcg	368		65

DE 102 19 203 A 1

Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val Glu Ala Gln Lys Glu Ser
 55 60 65 70
 5 gtt gcg cgg ggg cca gtt gag aat att tct caa tcg gtt gcg cag ccc 416
 Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser Gln Ser Val Ala Gln Pro
 75 80 85
 10 atc agg cgg agg tgg gtg cag gat aaa aag ccg gtt act tac agc ctg 464
 15 Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys Pro Val Thr Tyr Ser Leu
 90 95 100
 20 aag gat gta gct tcg cac gat atg ccc cag gac tgc tgg att ata atc 512
 Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln Asp Cys Trp Ile Ile Ile
 105 110 115
 25 aaa gag aag gtg tat gat gtg agc acc ttc gct gag cag cac cct gga 560
 Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe Ala Glu Gln His Pro Gly
 120 125 130
 30 ggc acg gtt atc aac acc tac ttc gga cga gac gcc aca gat gtt ttc 608
 35 Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Ala Thr Asp Val Phe
 135 140 145 150
 40 tct act ttc cac gca tcc acc tca tgg aag att ctt cag aat ttc tac 656
 Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys Ile Leu Gln Asn Phe Tyr
 155 160 165
 45 atc ggg aac ctt gtt agg gag gag ccg act ttg gag ctg ctg aag gag 704
 Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr Leu Glu Leu Leu Lys Glu
 170 175 180
 50 tac aga gag ttg aga gcc ctt ttc ttg aga gaa cag ctt ttc aag agt 752
 Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser
 185 190 195
 55 tcc aaa tcc tac tac ctt ttc aag act ctc ata aat gtt tcc att gtt 800
 Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu Ile Asn Val Ser Ile Val
 200 205 210
 65 gcc aca agc att gcg ata atc agt ctg tac aag tct tac cgg gcg gtt 848

DE 102 19 203 A 1

Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr Lys Ser Tyr Arg Ala Val			
215	220	225	230
ctg tta tca gcc agt ttg atg ggc ttg ttt att caa cag tgc gga tgg	896		5
Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Ile Gln Gln Cys Gly Trp			
235	240	245	10
ttg tct cac gat ttt cta cac cat cag gta ttt gag aca cgc tgg ctc	944		
Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu			15
250	255	260	
aat gac gtt gtt ggc tat gtg gtc ggc aac gtt gtt ctg gga ttc agt	992		20
Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn Val Val Leu Gly Phe Ser			
265	270	275	
gtc tcg tgg tgg aag acc aag cac aac ctg cat cat gct gct ccg aat	1040		25
Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn			
280	285	290	30
gaa tgc gac caa aag tac aca ccg att gat gag gat att gat act ctc	1088		
Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu			35
295	300	305	310
ccc atc att gct tgg agt aaa gat ctc ttg gcc act gtt gag agc aag	1136		40
Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu Ala Thr Val Glu Ser Lys			
315	320	325	
acc atg ttg cga gtt ctt cag tac cag cac cta ttc ttt ttg gtt ctt	1184		45
Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Leu Val Leu			
330	335	340	50
ttg acg ttt gcc cgg gcg agt tgg cta ttt tgg agc gcg gcc ttc act	1232		
Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe Trp Ser Ala Ala Phe Thr			55
345	350	355	
ctc agg ccc gag ttg acc ctt ggc gag aag ctt ttg gag agg gga acg	1280		60
Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys Leu Leu Glu Arg Gly Thr			
360	365	370	
atg gct ttg cac tac att tgg ttt aat agt gtt gcg ttt tat ctg ctc	1328		65

DE 102 19 203 A 1

Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser Val Ala Phe Tyr Leu Leu
 375 380 385 390

5
 ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gtg gtc agc gag ctc atg tct 1376
 Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val Val Ser Glu Leu Met Ser
 10 395 400 405

15
 ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc agt cac aat gga atg gag 1424
 Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu
 410 415 420

20
 gtg tac aat acg tca aag gac ttc gtg aat gcc cag att gca tcg act 1472
 Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn Ala Gln Ile Ala Ser Thr
 425 430 435

25
 cgc gac atc aaa gca ggg gtg ttt aat gat tgg ttc acc gga ggt ctc 1520
 Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu
 30 440 445 450

35
 aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca acg atg ccc agg cac aac 1568
 Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn
 455 460 465 470

40
 ctt aat aaa att tct cct cac gtg gag act ttg tgc aag aag cat gga 1616
 Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr Leu Cys Lys Lys His Gly
 475 480 485

45
 ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg ggc act tac cgg gtt ttg 1664
 Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser Gly Thr Tyr Arg Val Leu
 50 490 495 500

55
 aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct tca cac cag cag ctt gct 1712
 Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala Ser His Gln Gln Leu Ala
 505 510 515

60
 gcg agt tga ggcatcgag cactcgtcga aacatttttg tctgttatag 1761
 Ala Ser
 520

65
 tgttcatatg tgatcgaggg gaaaagggtcc catgctctga tctattcttc tgtagccaat 1821

DE 102 19 203 A 1

atttttcaat tgaaggagg ttctcactt atcttccatc tatcggtgca catcctgcat 1881
 cagagttagc gttggagtaa tgttaagcac ttgtagatta tgcccacat tgccacattt 1941
 ctgttcggtt acaatcgttt gattccatgc tatcctccgt gttcatctcg ttgttataag 2001
 caagcttgaa aaaacatgct acgagattgg cagacgttgt cttggcagct gtagagggtg 2061
 gttccattca ttgtgtagta cagaactctc tcgtccctgt ttctctacat tacttggttac 2121
 atagtgactt tcattcacag caaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2160

<210> 12

<211> 520

<212> PRT

<213> Ceratodon purpureus

<400> 12

Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn

1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu

20 25 30

Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe

35 40 45

Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val

50 55 60

Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser

65 70 75 80

Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys

85 90 95

Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln

100 105 110

DE 102 19 203 A 1

Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe
 115 120 125

5
 Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg
 130 135 140

10
 Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys
 145 150 155 160

15
 Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr
 165 170 175

20
 Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg
 180 185 190

25
 Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu
 195 200 205

30
 Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr
 210 215 220

35
 Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe
 225 230 235 240

40
 Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val
 245 250 255

45
 Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn
 260 265 270

50
 Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu
 275 280 285

55
 His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp
 290 295 300

60
 Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu
 305 310 315 320

65

DE 102 19 203 A 1

Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His	325	330	335
Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe	340	345	350
Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys	355	360	365
Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser	370	375	380
Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val	385	390	395
Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu	405	410	415
Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn	420	425	430
Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp	435	440	445
Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro	450	455	460
Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr	465	470	475
Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser	485	490	495
Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala	500	505	510
Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser	515	520	

DE 102 19 203 A 1

<210> 13
 <211> 1434
 5 <212> DNA
 <213> Phaeodactylum tricornutum

10 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1434)
 15 <223> Delta-6-Desaturase

<400> 13
 20 atg ggc aaa gga ggg gac gct cgg gcc tcg aag ggc tca acg gcg gct 48
 Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala
 1 5 10 15
 25 cgc aag atc agt tgg cag gaa gtc aag acc cac gcg tct ccg gag gac 96
 Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp
 20 25 30
 30 gcc tgg atc att cac tcc aat aag gtc tac gac gtg tcc aac tgg cac 144
 Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His
 35 35 40 45
 40 gaa cat ccc gga ggc gcc gtc att ttc acg cac gcc ggt gac gac atg 192
 Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met
 50 55 60
 45 acg gac att ttc gct gcc ttt cac gca ccc gga tcg cag tcg ctc atg 240
 Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met
 65 70 75 80
 50 aag aag ttc tac att ggc gaa ttg ctc ccg gaa acc acc ggc aag gag 288
 Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu
 55 85 90 95
 60 ccg cag caa atc gcc ttt gaa aag ggc tac cgc gat ctg cgc tcc aaa 336
 Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys
 100 105 110
 65 ctc atc atg atg ggc atg ttc aag tcc aac aag tgg ttc tac gtc tac 384

DE 102 19 203 A 1

Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr		
115	120	125
aag tgc ctc agc aac atg gcc att tgg gcc gcc gcc tgt gct ctc gtc	432	5
Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val		
130	135	140
10		
ttt tac tcg gac cgc ttc tgg gta cac ctg gcc agc gcc gtc atg ctg	480	
Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu		15
145	150	155
160		
gga aca ttc ttt cag cag tcg gga tgg ttg gca cac gac ttt ctg cac	528	20
Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His		
165	170	175
25		
cac cag gtc ttc acc aag cgc aag cac ggg gat ctc gga gga ctc ttt	576	
His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe		
180	185	190
30		
tgg ggg aac ctc atg cag ggt tac tcc gta cag tgg tgg aaa aac aag	624	
Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys		35
195	200	205
cac aac gga cac cac gcc gtc ccc aac ctc cac tgc tcc tcc gca gtc	672	40
His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val		
210	215	220
45		
gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt ctc gcc tgg	720	
Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp		
225	230	235
240		50
tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc gac gga aag	768	
Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys		55
245	250	255
gat tcg ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc tac ttt tac	816	60
Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr		
260	265	270
ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tcg tgg ttg aac gag tcc ttc	864	65

DE 102 19 203 A 1

Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe
 275 280 285

5 aag tgc gcc ttt ggg ctt gga gct gcg tcg gag aac gct gct ctc gaa 912
 Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu
 10 290 295 300

15 ctc aag gcc aag ggt ctt cag tac ccc ctt ttg gaa aag gct ggc atc 960
 Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile
 305 310 315 320

20 ctg ctg cac tac gct tgg atg ctt aca gtt tcg tcc ggc ttt gga cgc 1008
 Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg
 325 330 335

25 ttc tcg ttc gcg tac acc gca ttt tac ttt cta acc gcg acc gcg tcc 1056
 Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser
 30 340 345 350

35 tgt gga ttc ttg ctc gcc att gtc ttt ggc ctc ggc cac aac ggc atg 1104
 Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met
 355 360 365

40 gcc acc tac aat gcc gac gcc cgt ccg gac ttc tgg aag ctc caa gtc 1152
 Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val
 370 375 380

45 acc acg act cgc aac gtc acg ggc gga cac ggt ttc ccc caa gcc ttt 1200
 Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe
 385 390 395 400

50 gtc gac tgg ttc tgt ggt ggc ctc cag tac caa gtc gac cac cac tta 1248
 Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu
 55 405 410 415

60 ttc ccc agc ctg ccc cga cac aat ctg gcc aag aca cac gca ctg gtc 1296
 Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val
 420 425 430

65 gaa tcg ttc tgc aag gag tgg ggt gtc cag tac cac gaa gcc gac ctt 1344

DE 102 19 203 A 1

Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu	
435 440 445	
gtg gac ggg acc atg gaa gtc ttg cac cat ttg ggc agc gtg gcc ggc	1392
Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly	
450 455 460	10
gaa ttc gtc gtg gat ttt gta cgc gat gga ccc gcc atg taa	1434
Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met	
465 470 475	15
<210> 14	20
<211> 477	
<212> PRT	25
<213> Phaeodactylum tricornutum	
<400> 14	30
Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala	
1 5 10 15	
Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp	35
20 25 30	
Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His	40
35 40 45	
Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met	45
50 55 60	
Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met	50
65 70 75 80	
Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu	55
85 90 95	
Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys	60
100 105 110	
Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr	65

DE 102 19 203 A 1

	115	120	125
5	Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val		
	130	135	140
10	Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu		
	145	150	155 160
15	Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His		
	165	170	175
20	His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe		
	180	185	190
25	Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys		
	195	200	205
30	His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val		
	210	215	220
35	Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp		
	225	230	235 240
40	Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys		
	245	250	255
45	Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr		
	260	265	270
50	Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe		
	275	280	285
55	Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu		
	290	295	300
60	Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile		
	305	310	315 320
65	Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg		
	325	330	335

DE 102 19 203 A 1

atg gtg tcc cag ggc ggc ggt ctc tcg cag ggt tcc att gaa gaa aac	48	
Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn		
1 5 10 15		5
att gac gtt gag cac ttg gca acg atg ccc ctc gtc agt gac ttc cta	96	
Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu		10
20 25 30		
aat gtc ctg gga acg act ttg ggc cag tgg agt ctt tcc act aca ttc	144	15
Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe		
35 40 45		
gct ttc aag agg ctc acg act aag aaa cac agt tcg gac atc tcg gtg	192	20
Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val		
50 55 60		25
gag gca caa aaa gaa tcg gtt gcg cgg ggg cca gtt gag aat att tct	240	
Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser		30
65 70 75 80		
caa tcg gtt gcg cag ccc atc agg cgg agg tgg gtg cag gat aaa aag	288	35
Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys		
85 90 95		
ccg gtt act tac agc ctg aag gat gta gct tcg cac gat atg ccc cag	336	40
Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln		
100 105 110		45
gac tgc tgg att ata atc aaa gag aag gtg tat gat gtg agc acc ttc	384	
Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe		50
115 120 125		
gct gag cag cac cct gga ggc acg gtt atc aac acc tac ttc gga cga	432	55
Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg		
130 135 140		
gac gcc aca gat gtt ttc tct act ttc cac gca tcc acc tca tgg aag	480	60
Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys		
145 150 155 160		65

DE 102 19 203 A 1

	att ctt cag aat ttc tac atc ggg aac ctt gtt agg gag gag ccg act	528
	Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr	
5	165 170 175	
	ttg gag ctg ctg aag gag tac aga gag ttg aga gcc ctt ttc ttg aga	576
10	Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg	
	180 185 190	
	gaa cag ctt ttc aag agt tcc aaa tcc tac tac ctt ttc aag act ctc	624
15	Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu	
	195 200 205	
20	ata aat gtt tcc att gtt gcc aca agc att gcg ata atc agt ctg tac	672
	Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr	
25	210 215 220	
	aag tct tac cgg gcg gtt ctg tta tca gcc agt ttg atg ggc ttg ttt	720
30	Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe	
	225 230 235 240	
	att caa cag tgc gga tgg ttg tct cac gat ttt cta cac cat cag gta	768
35	Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val	
	245 250 255	
40	ttt gag aca cgc tgg ctc aat gac gtt gtt ggc tat gtg gtc ggc aac	816
	Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn	
45	260 265 270	
	gtt gtt ctg gga ttc agt gtc tcg tgg tgg aag acc aag cac aac ctg	864
50	Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu	
	275 280 285	
	cat cat gct gct ccg aat gaa tgc gac caa aag tac aca ccg att gat	912
55	His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp	
	290 295 300	
60	gag gat att gat act ctc ccc atc att gct tgg agt aaa gat ctc ttg	960
	Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu	
65	305 310 315 320	

DE 102 19 203 A 1

gcc act gtt gag agc aag acc atg ttg cga gtt ctt cag tac cag cac	1008	
Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His		
325 330 335		5
cta ttc ttt ttg gtt ctt ttg acg ttt gcc cgg gcg agt tgg cta ttt	1056	
Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe		10
340 345 350		
tgg agc gcg gcc ttc act ctc agg ccc gag ttg acc ctt ggc gag aag	1104	15
Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys		
355 360 365		
ctt ttg gag agg gga acg atg gct ttg cac tac att tgg ttt aat agt	1152	20
Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser		
370 375 380		25
gtt gcg ttt tat ctg ctc ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gtg	1200	
Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val		30
385 390 395 400		
gtc agc gag ctc atg tct ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc	1248	35
Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu		
405 410 415		
agt cac aat gga atg gag gtg tac aat acg tca aag gac ttc gtg aat	1296	40
Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn		
420 425 430		45
gcc cag att gca tgc act cgc gac atc aaa gca ggg gtg ttt aat gat	1344	
Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp		50
435 440 445		
tgg ttc acc gga ggt ctc aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca	1392	55
Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro		
450 455 460		
acg atg ccc agg cac aac ctt aat aaa att tct cct cac gtg gag act	1440	60
Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr		
465 470 475 480		65

DE 102 19 203 A 1

	ttg tgc aag aag cat gga ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg	1488
	Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser	
5	485 490 495	
	ggc act tac cgg gtt ttg aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct	1536
10	Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala	
	500 505 510	
15	tca cac cag cag ctt gct gcg agt tga	1563
	Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser	
	515 520	
20		
	<210> 16	
	<211> 520	
25	<212> PRT	
	<213> Ceratodon purpureus	
30		
	<400> 16	
	Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn	
35	1 5 10 15	
	Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu	
40	20 25 30	
	Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe	
45	35 40 45	
	Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val	
50	50 55 60	
	Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser	
55	65 70 75 80	
	Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys	
60	85 90 95	
	Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln	
65	100 105 110	

DE 102 19 203 A 1

Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe
115 120 125

Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg
130 135 140

Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys
145 150 155 160

Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr
165 170 175

Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg
180 185 190

Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu
195 200 205

Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr
210 215 220

Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe
225 230 235 240

Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val
245 250 255

Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn
260 265 270

Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu
275 280 285

His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp
290 295 300

Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu
305 310 315 320

Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His

DE 102 19 203 A 1

	325	330	335
5	Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe		
	340	345	350
10	Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys		
	355	360	365
15	Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser		
	370	375	380
20	Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val		
	385	390	395 400
25	Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu		
	405	410	415
30	Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn		
	420	425	430
35	Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp		
	435	440	445
40	Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro		
	450	455	460
45	Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr		
	465	470	475 480
50	Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser		
	485	490	495
55	Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala		
	500	505	510
60	Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser		
	515	520	
65	<210> 17		

DE 102 19 203 A 1

<211> 1578

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

5

<220>

<221> CDS

10

<222> (1)..(1578)

<223> Delta-6-Desaturase

15

<400> 17

atg gta ttc gcg ggc ggt gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac 48

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn

20

1

5

10

15

atc gac gtc gag cac att gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc 96

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe

25

20

25

30

agt tat gtg tct tca act gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa 144

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln

30

35

40

45

35

cct ttg aag cgc ctg acg agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc 192

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala

40

50

55

60

gtg caa tgt ata tca gct gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga 240

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly

45

65

70

75

80

act gcg gag gca ctc gca gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg 288

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg

50

85

90

95

55

tca tct cag tgg aag aag tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta 336

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val

60

100

105

110

cac aac aag cca agc gat tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat 384

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr

65

DE 102 19 203 A 1

	115	120	125	
5	gat gtt tcc aat ttt gcg gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt	432		
	Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser			
	130	135	140	
10	act tat ttt gga cga gac ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca	480		
	Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala			
15	145	150	155	160
	gct tct aca tgg aaa att ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag	528		
20	Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu			
	165	170	175	
25	agg gtg gag ccg act cca gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga	576		
	Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg			
	180	185	190	
30	gct ctt ttc ctg agg gag caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat	624		
	Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr			
35	195	200	205	
	gtt atg aag ctg ctc acg aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca	672		
40	Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala			
	210	215	220	
45	ata ata tgt tgg agc aag act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt	720		
	Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys			
	225	230	235	240
50	atg atg gct ctg tgt ttc caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt	768		
	Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe			
	245	250	255	
55	ctc cac aat cag gtg ttt gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg	816		
	Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly			
60	260	265	270	
65	tat gtg atc ggc aac gcc gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag	864		
	Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys			

DE 102 19 203 A 1

275	280	285		
gag aag cat aac ctt cat cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act			912	5
Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr				
290	295	300		
tac caa cca att gat gaa gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg			960	10
Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp				
305	310	315	320	15
agc aag gac ata ctg gcc aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc			1008	
Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile				20
325	330	335		
ctc caa tac cag cat ctg ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt			1056	25
Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg				
340	345	350		
ggc agt tgg ctc ttt tgg agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc			1104	30
Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu				
355	360	365		35
tca cct gtc gac agg ttg ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac			1152	
Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr				40
370	375	380		
ttt tgg ttc gtc ggg aca gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca			1200	45
Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro				
385	390	395	400	
tta gta tgg atg gcg gtg act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc			1248	50
Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly				
405	410	415		55
ttt gta ttt gta ctt agc cac aat ggg atg gag gtt tat aat tgc tct			1296	
Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser				60
420	425	430		
aaa gaa ttc gtg agt gca cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga			1344	65
Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly				

DE 102 19 203 A 1

	435	440	445	
5	aac ata ttc aac gac tgg ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag			1392
	Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu			
	450	455	460	
10	cat cat ctt ttc cca aca atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca			1440
	His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala			
15	465	470	475	480
	cct aga gtg gag gtg ttc tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac			1488
20	Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp			
	485	490	495	
25	gta tct att gct acc ggc act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa			1536
	Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu			
	500	505	510	
30	gtc gcg gag gct gcg gca gag cag cat gct acc acc agt taa			1578
	Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser			
35	515	520	525	
40	<210> 18			
	<211> 525			
	<212> PRT			
45	<213> Physcomitrella patens			
	<400> 18			
50	Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn			
	1	5	10	15
55	Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe			
	20	25	30	
60	Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln			
	35	40	45	
65	Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala			
	50	55	60	

DE 102 19 203 A 1

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly
65 70 75 80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg
85 90 95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val
100 105 110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr
115 120 125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser
130 135 140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala
145 150 155 160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu
165 170 175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg
180 185 190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr
195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala
210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys
225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe
245 250 255

Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly
260 265 270

DE 102 19 203 A 1

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys
 275 280 285
 5
 Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr
 290 295 300
 10
 Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp
 305 310 315 320
 15
 Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile
 325 330 335
 20
 Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg
 340 345 350
 25
 Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu
 355 360 365
 30
 Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr
 370 375 380
 35
 Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro
 385 390 395 400
 40
 Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly
 405 410 415
 45
 Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser
 420 425 430
 50
 Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly
 435 440 445
 55
 Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu
 450 455 460
 60
 His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala
 465 470 475 480
 65
 Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp

DE 102 19 203 A 1

	485	490	495	
Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu				5
500	505	510		
Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser				10
515	520	525		
<210> 19				15
<211> 837				
<212> DNA				20
<213> Phytophthora infestans				
<220>				25
<221> CDS				
<222> (1)..(837)				
<223> Delta-6-Elongase				30
<400> 19				
atg tcg act gag cta ctg cag agc tac tac gcg tgg gcc aac gcc acg	48			35
Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr				
1 5 10 15				
gag gcc aag ctg ctg gac tgg gtc gac cct gag ggc ggc tgg aag gtg	96			40
Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val				
20 25 30				45
cat cct atg gca gac tac ccc cta gcc aac ttc tcc agc gtc tac gcc	144			
His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala				50
35 40 45				
atc tgc gtc gga tac ttg ctc ttc gta atc ttc ggc acg gcc ctg atg	192			55
Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met				
50 55 60				
aaa atg gga gtc ccc gcc atc aag acc agt cca tta cag ttt gtg tac	240			60
Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr				
65 70 75 80				65

DE 102 19 203 A 1

	aac ccc atc caa gtc att gcc tgc tct tat atg tgc gtg gag gcc gcc	288
	Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala	
5	85 90 95	
	atc cag gcc tac cgc aac ggc tac acc gcc gcc ccg tgc aac gcc ttt	336
10	Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe	
	100 105 110	
	aag tcc gac gac ccc gtc atg ggc aac gtt ctg tac ctc ttc tat ctc	384
15	Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu	
	115 120 125	
	tcc aag atg ctc gac ctg tgc gac aca gtc ttc att atc cta gga aag	432
20	Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys	
	130 135 140	
25		
	aag tgg aaa cag ctt tcc atc ttg cac gtg tac cac cac ctt acc gtg	480
30	Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val	
	145 150 155 160	
	ctt ttc gtc tac tat gtg acg ttc cgc gcc gct cag gac ggg gac tca	528
35	Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser	
	165 170 175	
	tat gct acc atc gtg ctc aac ggc ttc gtg cac acc atc atg tac act	576
40	Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr	
	180 185 190	
45		
	tac tac ttc gtc agc gcc cac acg cgc aac att tgg tgg aag aag tac	624
50	Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr	
	195 200 205	
	ctc acg cgc att cag ctt atc cag ttc gtg acc atg aac gtg cag ggc	672
55	Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly	
	210 215 220	
	tac ctg acc tac tct cga cag tgc cca ggc atg cct cct aag gtg ccg	720
60	Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro	
	225 230 235 240	
65		

DE 102 19 203 A 1

ctc atg tac ctt gtg tac gtg cag tca ctc ttc tgg ctc ttc atg aat	768	
Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn		
245 250 255		5
ttc tac att cgc gcg tac gtg ttc ggc ccc aag aaa ccg gcc gtg gag	816	
Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu		10
260 265 270		
gaa tcg aag aag aag ttg taa	837	15
Glu Ser Lys Lys Lys Leu		
275		
		20
<210> 20		
<211> 278		25
<212> PRT		
<213> Phytophthora infestans		
		30
<400> 20		
Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr		
1 5 10 15		35
Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val		
20 25 30		40
His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala		
35 40 45		45
Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met		
50 55 60		50
Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr		
65 70 75 80		55
Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala		
85 90 95		60
Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe		
100 105 110		65

DE 102 19 203 A 1

Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu
 115 120 125

5

Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys
 130 135 140

10

Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val
 145 150 155 160

15

Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser
 165 170 175

20

Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr
 180 185 190

25

Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr
 195 200 205

30

Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly
 210 215 220

35

Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro
 225 230 235 240

40

Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn
 245 250 255

45

Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu
 260 265 270

50

Glu Ser Lys Lys Lys Leu
 275

55

<210> 21
 <211> 1410

60

<212> DNA
 <213> Phaeodactylum tricornutum

65

<220>

DE 102 19 203 A 1

<221> CDS

<222> (1)..(1410)

<223> Delta-5-Desaturase

5

<400> 21

atg gct ccg gat gcg gat aag ctt cga caa cgc cag acg act gcg gta	48	10
Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val		
1 5 10 15		

15

gcg aag cac aat gct gct acc ata tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt	96	
Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser		
20 25 30		20

ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa gtc tgc atc gac gga atc atc tat	144	
Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr		25
35 40 45		

gac ctc caa tca ttc gat cat ccc ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt	192	30
Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe		
50 55 60		

35

ggt ggc aac gat gtc act gta cag tac aag atg att cac ccg tac cat	240	
Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His		
65 70 75 80		40

acc gag aag cat ttg gaa aag atg aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat	288	
Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp		45
85 90 95		

ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa	336	50
Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys		
100 105 110		

cga gaa gtc ttc aag att gtg cga cga ggc aag gat ttc ggt act ttg	384	55
Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu		
115 120 125		60

gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc tac att gcc att ttc ttc tac ctg	432	
Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu		65
130 135 140		

DE 102 19 203 A 1

5 cag tac cat tgg gtc acc acg gga acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc 480
 Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala
 145 150 155 160

10 tac gga atc tcc caa gcg atg att ggc atg aat gtc cag cac gat gcc 528
 Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala
 165 170 175

15 aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc 576
 Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly
 180 185 190

20 ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa 624
 Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln
 195 200 205

25 cac tgg acc cac cac gct tac acc aat cac gcc gag atg gat ccc gat 672
 His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp
 210 215 220

35 agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc cta ttc aac gac tat ccc ttg gat 720
 Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp
 225 230 235 240

40 cat ccc gct cgt acc tgg cta cat cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg 768
 His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met
 245 250 255

45 ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg tcc gct gtc ttc aat cca caa att 816
 Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile
 260 265 270

50 ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac 864
 Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp
 275 280 285

55 aac gct ttc att cac tcg cga cgc aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct 912
 Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala
 290 295 300

65

DE 102 19 203 A 1

gtg tac att gcg gtg aac gtg att gct ccg ttt tac aca aac tcc ggc	960	
Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly		
305 310 315 320		5
ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt gga aac atc atg ctc atg ggt gtg	1008	
Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val		10
325 330 335		
gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc ctg ttt tcg ttg tcg cac aat ttc	1056	15
Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe		
340 345 350		
		20
gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc gcc cca ctg aaa aag acg gga gaa	1104	
Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu		
355 360 365		25
cca gtc gac tgg ttc aag aca cag gtc gaa act tcc tgc act tac ggt	1152	
Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly		30
370 375 380		
gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa	1200	35
Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu		
385 390 395 400		
		40
cac cac ttg ttc cca cgc atg agc agc gct tgg tat ccc tac att gcc	1248	
His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala		
405 410 415		45
ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac	1296	
Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr		50
420 425 430		
tac ccg tgg atc cac caa aac ttt ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac	1344	55
Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His		
435 440 445		
gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc	1392	60
Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro		
450 455 460		65

DE 102 19 203 A 1

ttg acc gga cgg gcg taa

1410

Leu Thr Gly Arg Ala

5 465 470

10 <210> 22

<211> 469

<212> PRT

15 <213> Phaeodactylum tricornutum

<400> 22

20 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val

1 5 10 15

25 Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser

20 25 30

30 Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr

35 40 45

35 Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe

50 55 60

40 Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His

65 70 75 80

45 Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp

85 90 95

50 Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys

100 105 110

55 Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu

115 120 125

60 Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu

130 135 140

65 Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala

DE 102 19 203 A 1

145	150	155	160	
Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala				5
165		170	175	
Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly				10
180	185	190		
Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln				15
195	200	205		
His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp				20
210	215	220		
Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp				25
225	230	235	240	
His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met				30
245	250	255		
Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile				35
260	265	270		
Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp				40
275	280	285		
Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala				45
290	295	300		
Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly				50
305	310	315	320	
Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val				55
325	330	335		
Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe				60
340	345	350		
Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu				65
355	360	365		

DE 102 19 203 A 1

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly
370 375 380

5

Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu
385 390 395 400

10

His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala
405 410 415

15

Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr
420 425 430

20

Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His
435 440 445

25

Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro
450 455 460

30

Leu Thr Gly Arg Ala
465

35

<210> 23

<211> 1344

40

<212> DNA

<213> Caenorhabditis elegans

45

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1344)

50

<223> Delta-5-Desaturase

<400> 23

55

atg gta tta cga gag caa gag cat gag cca ttc ttc att aaa att gat 48
Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp
1 5 10 15

60

gga aaa tgg tgt caa att gac gat gct gtc ctg aga tca cat cca ggt 96
Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly

65

DE 102 19 203 A 1

20	25	30		
ggt agt gca att act acc tat aaa aat atg gat gcc act acc gta ttc	144	5		
Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe				
35 40 45				
cac aca ttc cat act ggt tct aaa gaa gcg tat caa tgg ctg aca gaa	192	10		
His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu				
50 55 60		15		
ttg aaa aaa gag tgc cct aca caa gaa cca gag atc cca gat att aag	240			
Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys		20		
65 70 75 80				
gat gac cca atc aaa gga att gat gat gtg aac atg gga act ttc aat	288	25		
Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn				
85 90 95				
att tct gag aaa cga tct gcc caa ata aat aaa agt ttc act gat cta	336	30		
Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu				
100 105 110		35		
cgt atg cga gtt cgt gca gaa gga ctt atg gat gga tct cct ttg ttc	384			
Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe		40		
115 120 125				
tac att aga aaa att ctt gaa aca atc ttc aca att ctt ttt gca ttc	432	45		
Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe				
130 135 140				
tac ctt caa tac cac aca tat tat ctt cca tca gct att cta atg gga	480	50		
Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly				
145 150 155 160		55		
gtt gcg tgg caa caa ttg gga tgg tta atc cat gaa ttc gca cat cat	528			
Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His		60		
165 170 175				
cag ttg ttc aaa aac aga tac tac aat gat ttg gcc agc tat ttc gtt	576			
Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val		65		

DE 102 19 203 A 1

	180	185	190	
5	gga aac ttt tta caa gga ttc tca tct ggt ggt tgg aaa gag cag cac			624
	Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His			
	195	200	205	
10	aat gtg cat cac gca gcc aca aat gtt gtt gga cga gac gga gat ctt			672
	Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu			
	210	215	220	
15				
	gat tta gtc cca ttc tat gct aca gtg gca gaa cat ctc aac aat tat			720
20	Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr			
	225	230	235	240
25	tct cag gat tca tgg gtt atg act cta ttc aga tgg caa cat gtt cat			768
	Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His			
	245	250	255	
30				
	tgg aca ttc atg tta cca ttc ctc cgt ctc tcg tgg ctt ctt cag tca			816
	Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser			
	260	265	270	
35				
	atc att ttt gtt agt cag atg cca act cat tat tat gac tat tac aga			864
40	Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg			
	275	280	285	
45	aat act gcg att tat gaa cag gtt ggt ctc tct ttg cac tgg gct tgg			912
	Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp			
	290	295	300	
50				
	tca ttg ggt caa ttg tat ttc cta ccc gat tgg tca act aga ata atg			960
	Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met			
	305	310	315	320
55				
	ttc ttc ctt gtt tct cat ctt gtt gga ggt ttc ctg ctc tct cat gta			1008
60	Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val			
	325	330	335	
65	gtt act ttc aat cat tat tca gtg gag aag ttt gca ttg agc tcg aac			1056
	Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn			

DE 102 19 203 A 1

340	345	350		
atc atg tca aat tac gct tgt ctt caa atc atg acc aca aga aat atg	1104	5		
Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met				
355	360	365		
			10	
aga cct gga aga ttc att gac tgg ctt tgg gga ggt ctt aac tat cag	1152			
Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln				
370	375	380	15	
att gag cac cat ctt ttc cca acg atg cca cga cac aac ttg aac act	1200			
Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr		20		
385	390	395	400	
gtt atg cca ctt gtt aag gag ttt gca gca gca aat ggt tta cca tac	1248	25		
Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr				
405	410	415		
			30	
atg gtc gac gat tat ttc aca gga ttc tgg ctt gaa att gag caa ttc	1296			
Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe				
420	425	430	35	
cga aat att gca aat gtt gct gct aaa ttg act aaa aag att gcc tag	1344			
Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala		40		
435	440	445		
<210> 24			45	
<211> 447				
<212> PRT				
<213> Caenorhabditis elegans			50	
<400> 24				
Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp		55		
1	5	10	15	
Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly			60	
20	25	30		
Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe			65	

DE 102 19 203 A 1

	35	40	45
5	His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu		
	50	55	60
10	Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys		
	65	70	75 80
15	Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn		
	85	90	95
20	Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu		
	100	105	110
25	Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe		
	115	120	125
30	Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe		
	130	135	140
35	Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly		
	145	150	155 160
40	Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His		
	165	170	175
45	Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val		
	180	185	190
50	Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His		
	195	200	205
55	Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu		
	210	215	220
60	Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr		
	225	230	235 240
65	Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His		
	245	250	255

DE 102 19 203 A 1

Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser
260 265 270

Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg
275 280 285

Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp
290 295 300

Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met
305 310 315 320

Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val
325 330 335

Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn
340 345 350

Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met
355 360 365

Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln
370 375 380

Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr
385 390 395 400

Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr
405 410 415

Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe
420 425 430

Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala
435 440 445

<210> 25

<211> 954

DE 102 19 203 A 1

<212> DNA

<213> Mortierella alpina

5

<220>

<221> CDS

10

<222> (1)..(954)

<223> Delta-6-Elongase

15

<400> 25

atg gcc gcc gca atc ttg gac aag gtc aac ttc ggc att gat cag ccc 48

Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro

20

1 5 10 15

ttc gga atc aag ctc gac acc tac ttt gct cag gcc tat gaa ctc gtc 96

25

Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val

20 25 30

acc gga aag tcc atc gac tcc ttc gtc ttc cag gag ggc gtc acg cct 144

30

Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro

35 40 45

35

ctc tcg acc cag aga gag gtc gcc atg tgg act atc act tac ttc gtc 192

Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val

50 55 60

40

gtc atc ttt ggt ggt cgc cag atc atg aag agc cag gac gcc ttc aag 240

45

Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys

65 70 75 80

ctc aag ccc ctc ttc atc ctc cac aac ttc ctc ctg acg atc gcg tcc 288

50

Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser

85 90 95

55

gga tcg ctg ttg ctc ctg ttc atc gag aac ctg gtc ccc atc ctc gcc 336

Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala

100 105 110

60

aga aac gga ctt ttc tac gcc atc tgc gac gac ggt gcc tgg acc cag 384

65

Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln

115 120 125

DE 102 19 203 A 1

cgc ctc gag ctc ctc tac tac ctc aac tac ctg gtc aag tac tgg gag	432	
Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu		
130 135 140		5
ttg gcc gac acc gtc ttt ttg gtc ctc aag aag aag cct ctt gag ttc	480	
Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe		10
145 150 155 160		
ctg cac tac ttc cac cac tcg atg acc atg gtt ctc tgc ttt gtc cag	528	15
Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln		
165 170 175		
ctt gga gga tac act tca gtg tcc tgg gtc cct att acc ctc aac ttg	576	20
Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu		
180 185 190		25
act gtc cac gtc ttc atg tac tac tac tac atg cgc tcc gct gcc ggt	624	
Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly		30
195 200 205		
gtt cgc atc tgg tgg aag cag tac ttg acc act ctc cag atc gtc cag	672	35
Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln		
210 215 220		
ttc gtt ctt gac ctc gga ttc atc tac ttc tgc gcc tac acc tac ttc	720	40
Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe		
225 230 235 240		45
gcc ttc acc tac ttc ccc tgg gct ccc aac gtc ggc aag tgc gcc ggt	768	
Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly		50
245 250 255		
acc gag ggt gct gct ctc ttt ggc tgc gga ctc ctc tcc agc tat ctc	816	55
Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu		
260 265 270		
ttg ctc ttt atc aac ttc tac cgc att acc tac aat gcc aag gcc aag	864	60
Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys		
275 280 285		65

DE 102 19 203 A 1

gca gcc aag gag cgt gga agc aac ttt acc ccc aag act gtc aag tcc 912
 Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser
 5 290 295 300

 ggc gga tcg ccc aag aag ccc tcc aag agc aag cac atc taa 954
 10 Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile
 305 310 315

 15 <210> 26
 <211> 317
 20 <212> PRT
 <213> Mortierella alpina

 25 <400> 26
 Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro
 1 5 10 15
 30 Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val
 20 25 30
 35 Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro
 35 40 45
 40 Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val
 50 55 60
 45 Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys
 65 70 75 80
 50 Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser
 85 90 95
 55 Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala
 100 105 110
 60 Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln
 115 120 125
 65

DE 102 19 203 A 1

Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu
130 135 140

Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe
145 150 155 160

Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln
165 170 175

Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu
180 185 190

Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly
195 200 205

Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln
210 215 220

Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe
225 230 235 240

Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly
245 250 255

Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu
260 265 270

Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys
275 280 285

Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser
290 295 300

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile
305 310 315

<210> 27

<211> 1320

<212> DNA

DE 102 19 203 A 1

<213> Thraustochytrium

5 <220>

<221> CDS

<222> (1)..(1320)

10 <223> Delta-5-Desaturase

<400> 27

15 atg ggc aag ggc agc gag ggc cgc agc gcg gcg cgc gag atg acg gcc 48
Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala

1 5 10 15

20 gag gcg aac ggc gac aag cgg aaa acg att ctg atc gag ggc gtc ctg 96
Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu

20 25 30

25 tac gac gcg acg aac ttt aag cac ccg ggc ggt tcg atc atc aac ttc 144
30 Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe
35 40 45

35 ttg acc gag ggc gag gcc ggc gtg gac gcg acg cag gcg tac cgc gag 192
Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu
50 55 60

40 ttt cat cag cgg tcc ggc aag gcc gac aag tac ctc aag tcg ctg ccg 240
Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro
65 70 75 80

45 aag ctg gat gcg tcc aag gtg gag tcg cgg ttc tcg gcc aaa gag cag 288
Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln
50 85 90 95

55 gcg cgg cgc gac gcc atg acg cgc gac tac gcg gcc ttt cgc gag gag 336
Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu
100 105 110

60 ctc gtc gcc gag ggg tac ttt gac ccg tcg atc ccg cac atg att tac 384
Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr
115 120 125

65

DE 102 19 203 A 1

cgc gtc gtg gag atc gtg gcg ctc ttc gcg ctc tcg ttc tgg ctc atg	432	
Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met		
130 135 140		5
tcc aag gcc tcg ccc acc tcg ctc gtg ctg ggc gtg gtg atg aac ggc	480	
Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly		10
145 150 155 160		
att gcg cag ggc cgc tgc ggc tgg gtc atg cac gag atg ggc cac ggg	528	15
Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly		
165 170 175		
tcg ttc acg ggc gtc atc tgg ctc gac gac cgg atg tgc gag ttc ttc	576	20
Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe		
180 185 190		25
tac ggc gtc ggc tgc ggc atg agc ggg cac tac tgg aag aac cag cac	624	
Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His		30
195 200 205		
agc aag cac cac gcc gcg ccc aac cgc ctc gag cac gat gtc gat ctc	672	35
Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu		
210 215 220		
aac acg ctg ccc ctg gtc gcc ttt aac gag cgc gtc gtg cgc aag gtc	720	40
Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val		
225 230 235 240		45
aag ccg gga tcg ctg ctg gcg ctc tgg ctg cgc gtg cag gcg tac ctc	768	
Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu		50
245 250 255		
ttt gcg ccc gtc tcg tgc ctg ctc atc ggc ctt ggc tgg acg ctc tac	816	55
Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr		
260 265 270		
ctg cac ccg cgc tac atg ctg cgc acc aag cgg cac atg gag ttc gtc	864	60
Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val		
275 280 285		65

DE 102 19 203 A 1

5 tgg atc ttc gcg cgc tac att ggc tgg ttc tcg ctc atg ggc gct ctc 912
 Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu
 290 295 300

10 ggc tac tcg ccg ggc acc tcg gtc ggg atg tac ctg tgc tcg ttc ggc 960
 Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly
 305 310 315 320

15 ctc ggc tgc att tac att ttc ctg cag ttc gcc gtc agc cac acg cac 1008
 Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His
 325 330 335

20 ctg ccg gtg acc aac ccg gag gac cag ctg cac tgg ctc gag tac gcg 1056
 Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala
 340 345 350

25 gcc gac cac acg gtg aac att agc acc aag tcc tgg ctc gtc acg tgg 1104
 Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp
 355 360 365

30 tgg atg tcg aac ctg aac ttt cag atc gag cac cac ctc ttc ccc acg 1152
 Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr
 370 375 380

35 gcg ccg cag ttc cgc ttc aag gaa atc agt cct cgc gtc gag gcc ctc 1200
 Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu
 385 390 395 400

40 ttc aag cgc cac aac ctc ccg tac tac gac ctg ccc tac acg agc gcg 1248
 Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala
 405 410 415

45 gtc tcg acc acc ttt gcc aat ctt tat tcc gtc ggc cac tcg gtc ggc 1296
 Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly
 420 425 430

50 gcc gac acc aag aag cag gac tga 1320
 Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp
 435 440

55 ggc tac tcg ccg ggc acc tcg gtc ggg atg tac ctg tgc tcg ttc ggc 960
 Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly
 305 310 315 320

60 ctc ggc tgc att tac att ttc ctg cag ttc gcc gtc agc cac acg cac 1008
 Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His
 325 330 335

65 ctg ccg gtg acc aac ccg gag gac cag ctg cac tgg ctc gag tac gcg 1056
 Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala
 340 345 350

70 gcc gac cac acg gtg aac att agc acc aag tcc tgg ctc gtc acg tgg 1104
 Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp
 355 360 365

75 tgg atg tcg aac ctg aac ttt cag atc gag cac cac ctc ttc ccc acg 1152
 Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr
 370 375 380

80 gcg ccg cag ttc cgc ttc aag gaa atc agt cct cgc gtc gag gcc ctc 1200
 Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu
 385 390 395 400

85 ttc aag cgc cac aac ctc ccg tac tac gac ctg ccc tac acg agc gcg 1248
 Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala
 405 410 415

90 gtc tcg acc acc ttt gcc aat ctt tat tcc gtc ggc cac tcg gtc ggc 1296
 Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly
 420 425 430

95 gcc gac acc aag aag cag gac tga 1320
 Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp
 435 440

DE 102 19 203 A 1

<210> 28

<211> 439

<212> PRT

<213> Thraustochytrium

<400> 28

Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala

1

5

10

15

Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu

20

25

30

Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe

35

40

45

Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu

50

55

60

Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro

65

70

75

80

Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln

85

90

95

Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu

100

105

110

Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr

115

120

125

Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met

130

135

140

Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly

145

150

155

160

Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly

165

170

175

DE 102 19 203 A 1

Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe
180 185 190

5 Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His
195 200 205

10 Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu
210 215 220

15 Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val
225 230 235 240

20 Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu
245 250 255

25 Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr
260 265 270

30 Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val
275 280 285

35 Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu
290 295 300

40 Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly
305 310 315 320

45 Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His
325 330 335

50 Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala
340 345 350

55 Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp
355 360 365

60 Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr
370 375 380

65 Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu

DE 102 19 203 A 1

385	390	395	400	
Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala				5
	405	410	415	
Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly				10
	420	425	430	
Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp				15
	435			
<210> 29				20
<211> 957				
<212> DNA				25
<213> Mortierella alpina				
<220>				30
<221> CDS				
<222> (1)..(957)				
<223> Delta-6-Elongase				35
<400> 29				
atg gag tcg att gcg cca ttc ctc cca tca aag atg ccg caa gat ctg			48	40
Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu				
1 5 10 15				
ttt atg gac ctt gcc acc gct atc ggt gtc cgg gcc gcg ccc tat gtc			96	45
Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val				
20 25 30				50
gat cct ctc gag gcc gcg ctg gtg gcc cag gcc gag aag tac atc ccc			144	
Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro				55
35 40 45				
acg att gtc cat cac acg cgt ggg ttc ctg gtc gcg gtg gag tcg cct			192	60
Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro				
50 55 60				
ttg gcc cgt gag ctg ccg ttg atg aac ccg ttc cac gtg ctg ttg atc			240	65

DE 102 19 203 A 1

Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile
 65 70 75 80
 5
 gtg ctc gct tat ttg gtc acg gtc ttt gtg ggc atg cag atc atg aag 288
 Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys
 10 85 90 95
 aac ttt gag cgg ttc gag gtc aag acg ttt tcg ctc ctg cac aac ttt 336
 15 Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe
 100 105 110
 tgt ctg gtc tcg atc agc gcc tac atg tgc ggt ggg atc ctg tac gag 384
 Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu
 115 120 125
 25
 gct tat cag gcc aac tat gga ctg ttt gag aac gct gct gat cat acc 432
 Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr
 130 135 140
 30
 ttc aag ggt ctt cct atg gcc aag atg atc tgg ctc ttc tac ttc tcc 480
 35 Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser
 145 150 155 160
 aag atc atg gag ttt gtc gac acc atg atc atg gtc ctc aag aag aac 528
 40 Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn
 165 170 175
 45
 aac cgc cag atc tcc ttc ttg cac gtt tac cac cac agc tcc atc ttc 576
 Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe
 180 185 190
 50
 acc atc tgg tgg ttg gtc acc ttt gtt gca ccc aac ggt gaa gcc tac 624
 55 Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr
 195 200 205
 60
 ttc tct gct gcg ttg aac tcg ttc atc cat gtg atc atg tac ggc tac 672
 Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr
 210 215 220
 65
 tac ttc ttg tcg gcc ttg ggc ttc aag cag gtg tcg ttc atc aag ttc 720

DE 102 19 203 A 1

Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe
225 230 235 240

tac atc acg cgc tcg cag atg aca cag ttc tgc atg atg tcg gtc cag 768
Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln
245 250 255

tct tcc tgg gac atg tac gcc atg aag gtc ctt ggc cgc ccc gga tac 816
Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr
260 265 270

ccc ttc ttc atc acg gct ctg ctt tgg ttc tac atg tgg acc atg ctc 864
Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu
275 280 285

ggt ctc ttc tac aac ttt tac aga aag aac gcc aag ttg gcc aag cag 912
Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
290 295 300

gcc aag gcc gac gct gcc aag gag aag gca agg aag ttg cag taa 957
Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln
305 310 315

<210> 30

<211> 318

<212> PRT

<213> Mortierella alpina

<400> 30

Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu
1 5 10 15

Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val
20 25 30

Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro
35 40 45

Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro

DE 102 19 203 A 1

50

55

60

5 Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile
65 70 75 80

10 Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys
85 90 95

15 Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe
100 105 110

20 Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu
115 120 125

25 Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr
130 135 140

30 Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser
145 150 155 160

35 Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn
165 170 175

40 Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe
180 185 190

45 Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr
195 200 205

50 Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr
210 215 220

55 Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe
225 230 235 240

60 Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln
245 250 255

65 Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr
260 265 270

DE 102 19 203 A 1

Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu
275 280 285

Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
290 295 300

Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln
305 310 315

<210> 31

<211> 1374

<212> DNA

<213> Mortierella alpina

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1374)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 31

atg gct gct gct ccc agt gtg agg acg ttt act cgg gcc gag gtt ttg 48
Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Val Leu
1 5 10 15

aat gcc gag gct ctg aat gag ggc aag aag gat gcc gag gca ccc ttc 96
Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe
20 25 30

ttg atg atc atc gac aac aag gtg tac gat gtt cgc gag ttc gtc cct 144
Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro
35 40 45

gat cat ccc ggt gga agt gtg att ctc acg cac gtt ggc aag gac ggc 192
Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly
50 55 60

act gac gtc ttt gac act ttt cac ccc gag gct gct tgg gag act ctt 240
Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu

DE 102 19 203 A 1

	65	70	75	80	
5	gcc aac ttt tac gtt ggt gat att gac gag agc gac cgc gat atc aag				288
	Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys				
		85	90	95	
10	aat gat gac ttt gcg gcc gag gtc cgc aag ctg cgt acc ttg ttc cag				336
	Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln				
		100	105	110	
15	tct ctt ggt tac tac gat tct tcc aag gca tac tac gcc ttc aag gtc				384
20	Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val				
		115	120	125	
25	tcg ttc aac ctc tgc atc tgg ggt ttg tcg acg gtc att gtg gcc aag				432
	Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys				
		130	135	140	
30	tgg ggc cag acc tcg acc ctc gcc aac gtg ctc tcg gct gcg ctt ttg				480
	Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu				
		145	150	155	160
35	ggt ctg ttc tgg cag cag tgc gga tgg ttg gct cac gac ttt ttg cat				528
40	Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His				
		165	170	175	
45	cac cag gtc ttc cag gac cgt ttc tgg ggt gat ctt ttc ggc gcc ttc				576
	His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe				
		180	185	190	
50	ttg gga ggt gtc tgc cag ggc ttc tcg tcc tcg tgg tgg aag gac aag				624
	Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys				
		195	200	205	
55	cac aac act cac cac gcc gcc ccc aac gtc cac ggc gag gat ccc gac				672
	His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp				
60		210	215	220	
65	att gac acc cac cct ctg ttg acc tgg agt gag cat gcg ttg gag atg				720
	Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met				

DE 102 19 203 A 1

225	230	235	240		
ttc tcg gat gtc cca gat gag gag ctg acc cgc atg tgg tcg cgt ttc	768	5			
Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe					
245 250 255					
atg gtc ctg aac cag acc tgg ttt tac ttc ccc att ctc tcg ttt gcc	816	10			
Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala					
260 265 270		15			
cgt ctc tcc tgg tgc ctc cag tcc att ctc ttt gtg ctg cct aac ggt	864				
Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly		20			
275 280 285					
cag gcc cac aag ccc tcg ggc gcg cgt gtg ccc atc tcg ttg gtc gag	912	25			
Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu					
290 295 300					
cag ctg tcg ctt gcg atg cac tgg acc tgg tac ctc gcc acc atg ttc	960	30			
Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe					
305 310 315 320		35			
ctg ttc atc aag gat ccc gtc aac atg ctg gtg tac ttt ttg gtg tcg	1008				
Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Leu Val Tyr Phe Leu Val Ser		40			
325 330 335					
cag gcg gtg tgc gga aac ttg ttg gcg atc gtg ttc tcg ctc aac cac	1056	45			
Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His					
340 345 350					
aac ggt atg cct gtg atc tcg aag gag gag gcg gtc gat atg gat ttc	1104	50			
Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe					
355 360 365		55			
ttc acg aag cag atc atc acg ggt cgt gat gtc cac ccg ggt cta ttt	1152				
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe		60			
370 375 380					
gcc aac tgg ttc acg ggt gga ttg aac tat cag atc gag cac cac ttg	1200				
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu		65			

DE 102 19 203 A 1

	385	390	395	400	
5	ttc cct tcg atg cct cgc cac aac ttt tca aag atc cag cct gct gtc				1248
	Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val				
		405	410	415	
10	gag acc ctg tgc aaa aag tac aat gtc cga tac cac acc acc ggt atg				1296
	Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Asn Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met				
		420	425	430	
15					
	atc gag gga act gca gag gtc ttt agc cgt ctg aac gag gtc tcc aag				1344
20	Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys				
		435	440	445	
25	gct gcc tcc aag atg ggt aag gcg cag taa				1374
	Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln				
		450	455		
30					
	<210> 32				
35	<211> 457				
	<212> PRT				
	<213> Mortierella alpina				
40					
	<400> 32				
	Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Val Leu				
	1 5 10 15				
45					
	Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe				
	20 25 30				
50					
	Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro				
	35 40 45				
55					
	Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly				
	50 55 60				
60					
	Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu				
	65 70 75 80				
65					

DE 102 19 203 A 1

Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys
85 90 95

Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln
100 105 110

Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val
115 120 125

Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys
130 135 140

Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu
145 150 155 160

Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
165 170 175

His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe
180 185 190

Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys
195 200 205

His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp
210 215 220

Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met
225 230 235 240

Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe
245 250 255

Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala
260 265 270

Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly
275 280 285

Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu

DE 102 19 203 A 1

290

295

300

5 Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe
305 310 315 320

10 Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Leu Val Tyr Phe Leu Val Ser
325 330 335

15 Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His
340 345 350

20 Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe
355 360 365

25 Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe
370 375 380

30 Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu
385 390 395 400

35 Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val
405 410 415

40 Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Asn Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met
420 425 430

45 Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys
435 440 445

50 Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln
450 455

55 <210> 33

<211> 3598

<212> DNA

60 <213> Unknown

<220>

65 <223> Sequenz stellt eine pflanzliche

DE 102 19 203 A 1

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

<400> 33

tcgcgcggtt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccc gagacgggtca	60	5
cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccc tcagggcgcg tcagcgggtg	120	10
ttggcgggtg tcggggctgg cttactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc	180	15
accatatgcy gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc	240	20
attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcgggccc tcttcgctat	300	25
tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt	360	30
tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccc agtcctcga	420	35
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat	480	40
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataacacct	540	45
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta	600	50
tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatctc	660	55
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttgagga ttttaattgtt	720	60
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attccttgagg ataataatgg	780	65
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggtttag taatttttca	840	
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgccc tgtggaaagt	900	
ttaaaaatat tttggaaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt	960	
ggaggatgca ataataaga aaactacaaa tttacatgca actagttatg catgtagtct	1020	
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta	1080	

DE 102 19 203 A 1

taattttcttc atagccagcc caccgcggtg ggcggccgcc tgcagtctag aaggcctcct 1140
 5 gctttaatga gatatgcgag acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt 1200
 gcacgttgta aaaaacctga gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggt ttcggttcat 1260
 10 tctaataaat atatcacccg ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt 1320
 15 tactgattgt ccgtcgacga attcgagctc ggcgcgccaa gcttggcgta atcatgggtca 1380
 tagctgtttc ctgtgtgaaa ttgttatccg ctcacaattc cacacaacat acgagccgga 1440
 20 agcataaagt gtaaagcctg ggggcgctaa tgagtgaagt aactcacatt aattgcgttg 1500
 25 cgctcactgc ccgctttcca gtcgggaaac ctgtcgtgcc agctgcatta atgaatcggc 1560
 caacgcgcgg ggagaggcgg tttgcgtatt gggcgctctt ccgcttcttc gctcactgac 1620
 30 tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctcactcaaa ggcggtaata 1680
 35 cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa aggccagcaa 1740
 aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct ccgccccct 1800
 40 gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac aggactataa 1860
 45 agataaccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgcgct ctctgttcc gaccctgccg 1920
 cttaccggat acctgtccgc ctttctcct tcgggaagcg tggcgcttcc tcatagctca 1980
 50 cgctgtaggt atctcagttc ggtgtaggtc gttcgtcca agctgggctg tgtgcacgaa 2040
 55 cccccgttc agcccgaccg ctgcgcctta tccggttaact atcgtcttga gtccaacccg 2100
 gtaagacacg acttatcgcc actggcagca gccactggta acaggattag cagagcgagg 2160
 60 tatgtaggcg gtgctacaga gttcttgaag tgggtggccta actacggcta cactagaagg 2220
 65 acagtatttg gtatctgcgc tctgctgaag ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc 2280

DE 102 19 203 A 1

aataaacaaa taggggttcc gcgcacattt ccccgaaaag tgccacctga cgtctaagaa 3540

accattatta tcatgacatt aacctataaa aataggcgta tcacgaggcc ctttcgtc 3598

<210> 34

<211> 3590

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

<400> 34

tgcgcggttt cggtgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60

cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120

ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180

accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240

attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcgggcc tcttcgctat 300

tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360

tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agctcctcga 420

gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480

gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatattg gtactaaatt tataacacct 540

tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa ttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600

tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatttc 660

tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttttaattgtt 720

DE 102 19 203 A 1

gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780
 5 taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca 840
 agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgccc tgtggaaagt 900
 10 ttaaaaatat ttggaaatg atttgcattg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960
 15 ggaggatgca ataataaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020
 atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080
 20 taattttcttc atagccagcg gatccgatat cgggcccgt agcgtaacc ctgctttaat 1140
 25 gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200
 taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccg gtttcggttc attctaata 1260
 30 atatatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa ttactgatt 1320
 35 gtccgtcgac gaattcgagc tcggcgccgc aagcttgccg taatcatggt catagctgtt 1380
 tcctgtgtga aattgttacc cgctcacaat tccacacaac atacgagccg gaagcataaa 1440
 40 gtgtaaagcc tggggcgctt aatgagtgag ctaactcaca ttaattgcgt tgcgctcact 1500
 gcccgttttc cagtcgggaa acctgtcgtg ccagctgcat taatgaatcg gccaacgcgc 1560
 45 ggggagaggc ggtttgcgta ttgggcgctc ttccgcttcc tcgctcactg actcgtcgcg 1620
 50 ctcggtcgtt cggctgcggc gagcggatc agctcactca aaggcggtta tacggttatc 1680
 cacagaatca ggggataacg caggaaagaa catgtgagca aaaggccagc aaaaggccag 1740
 55 gaaccgtaaa aaggccgctg tgctggcgtt ttccatagg ctccgcccc ctgacgagca 1800
 60 tcacaaaaat cgacgtcaa gtcagaggtg gcgaaacccg acaggactat aaagatacca 1860
 65 ggcgtttccc cctggaagct ccctcgtgcg ctctcctgtt ccgacctgc cgttaccgg 1920

DE 102 19 203 A 1

atacctgtcc gcctttctcc cttcgggaag cgtggcgctt tctcatagct cacgctgtag	1980	
gtatctcagt tcggtgtagg tcgttcgctc caagctgggc tgtgtgcacg aacccccgt	2040	5
tcagcccgac cgctgcgcct tatccggtaa ctatcgtctt gagtccaacc cggtaaagaca	2100	
cgacttatcg ccaactggcag cagccactgg taacaggatt agcagagcga ggtatgtagg	2160	10
cggtgctaca gaggttctga agtgggtggc taactacggc tacactagaa ggacagtatt	2220	15
tggtatctgc gctctgctga agccagttac cttcggaaaa agagttggta gctcttgatc	2280	
cggcaaacia accacgcgtg gtagcgggtg ttttttgggt tgcaagcagc agattacgcg	2340	20
cagaaaaaaa ggatctcaag aagatccttt gatcttttct acgggggtctg acgctcagt	2400	25
gaacgaaaac tcacgttaag ggattttgggt catgagatta tcaaaaagga tcttcaccta	2460	
gatcctttta aattaaaaat gaagttttta atcaatctaa agtatatatg agtaaacttg	2520	30
gtctgacagt taccaatgct taatcagtga ggcacctatc tcagcgatct gtctatttcg	2580	35
ttcatccata gttgcctgac tccccgtcgt gtagataact acgatacggg agggcttacc	2640	
atctggcccc agtgctgcaa tgataccgcg agaccacgc tcaccggctc cagatttatc	2700	40
agcaataaac cagccagccg gaagggccga ggcgagaagt ggtcctgcaa ctttatccgc	2760	45
ctccatccag tctattaatt gttgccggga agctagagta agtagttcgc cagttaatag	2820	
tttgcgcaac gttgttgcca ttgctacagg catcgtgggtg tcacgctcgt cgtttggtat	2880	50
ggcttcattc agctccggtt cccaacgatc aaggcgagtt acatgatccc ccatgttggtg	2940	55
caaaaaagcg gttagctcct tcggtcctcc gatcgttgctc agaagtaagt tggccgcagt	3000	
gttatcactc atgggttatgg cagcactgca taattctctt actgtcatgc catccgtaag	3060	60
atgcttttct gtgactgggtg agtactcaac caagtcattc tgagaatagt gtatgcggcg	3120	65

DE 102 19 203 A 1

accgagttgc tcttgcccg cgtcaatacg ggataatacc gcgccacata gcagaacttt 3180
 5 aaaagtgtc atcattggaa aacgttcttc ggggcgaaaa ctctcaagga tcttaccgct 3240
 gttgagatcc agttcgatgt aaccactcg tgcacccaac tgatcttcag catcttttac 3300
 10 tttcaccagc gtttctgggt gagcaaaaac aggaaggcaa aatgccgcaa aaaagggaat 3360
 15 aagggcgaca cggaatgtt gaatactcat actcttcctt tttcaatatt attgaagcat 3420
 ttatcagggt tattgtctca tgagcggata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca 3480
 20 aataggggtt ccgcgcacat ttccccgaaa agtgccacct gacgtctaag aaaccattat 3540
 25 tatcatgaca ttaacctata aaaataggcg tatcacgagg ccctttcgtc 3590

30 <210> 35

<211> 3584

<212> DNA

35 <213> Unknown

<220>

40 <223> Sequenz stellt eine pflanzliche
 Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
 pUC19 dar

45 <400> 35

tgcgcggttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60

50 cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120

55 ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180

accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240

60 attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcggggc tcttcgctat 300

65 tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360

DE 102 19 203 A 1

tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgcgcg agtcctcga 420
 gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480 5
 gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataacacct 540
 tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600 10
 tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatctc 660 15
 tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttgagga ttttaattgtt 720
 gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780 20
 taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca 840 25
 agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt 900
 ttaaaaatat tttggaaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960 30
 ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa tttacatgca actagttatg catgtagtct 1020 35
 atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080
 taatttcttc atagccagca gatctgccgg catcgatccc gggccatggc ctgctttaat 1140 40
 gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200 45
 taaaaaacct gagcatgtgt agtcagatc cttaccgccg gtttcggttc attctaata 1260
 atatatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa tttactgatt 1320 50
 gtccgtcgac gagctcggcg cgccaagctt ggcgtaatca tggcatagc tgtttcctgt 1380 55
 gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa 1440
 agcctggggg gcctaataag tgagctaact cacattaatt gcgttgcgct cactgccccg 1500 60
 tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga atcggccaac gcgcgggggag 1560 65

DE 102 19 203 A 1

aggcgggttg cgtattgggc gctcttcgc ttctcgcctc actgactcgc tgcgctcggg 1620
 5 cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggg tatccacaga 1680
 atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg 1740
 10 taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc cccctgacg agcatcacia 1800
 15 aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcggt 1860
 tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttcgacc ctgccgctta ccgatacct 1920
 20 gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct 1980
 25 cagttcgggtg taggtcggtc gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc 2040
 cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc aaccggtaa gacacgactt 2100
 30 atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcggtgc 2160
 35 tacagagttc ttgaagtggg ggcctaacta cggctacact agaaggacag tatttggtat 2220
 ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa 2280
 40 acaaaccacc gctggtagcg gtgggttttt tgttgcaag cagcagatta cgcgagaaa 2340
 45 aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga 2400
 aaactcacgt taagggattt tggatcatg attatcaaaa aggatcttca cctagatcct 2460
 50 tttaaattaa aaatgaagtt ttaaataaat ctaaagtata tatgagtaaa cttggtctga 2520
 55 cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcac 2580
 catagttgcc tgactccccg tcgtgtagat aactacgata cgggaggggt taccatctgg 2640
 60 cccagtgct gcaatgatac cgcgagaccc acgctcaccg gctccagatt tatcagcaat 2700
 65 aaaccagcca gccggaaggg ccgagcgcag aagtggctct gcaactttat ccgcctccat 2760

DE 102 19 203 A 1

ccagtcctatt aattgttgcc gggaagctag agtaagtagt tcgccagtta atagtttgcg	2820	
caacgttggt gccattgcta caggcatcgt ggtgtcacgc tcgtcgtttg gtatggcttc	2880	5
attcagctcc ggttcccaac gatcaaggcg agttacatga tccccatgt tgtgcaaaaa	2940	
agcggtttagc tccttcgggc ctccgatcgt tgtcagaagt aagttggccg cagtgttatc	3000	10
actcatgggt atggcagcac tgcataattc tcttactgtc atgccatccg taagatgctt	3060	15
ttctgtgact ggtgagtact caaccaagtc attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag	3120	
ttgctcttgc cggcggtcaa tacgggataa taccgcgcca catagcagaa ctttaaaagt	3180	20
gctcatcatt ggaaaacgtt cttcggggcg aaaactctca aggatcttac cgctgttgag	3240	25
atccagttcg atgtaacca ctogtgcacc caactgatct tcagcatctt ttactttcac	3300	
cagcgtttct gggtgagcaa aaacaggaag gcaaatgcc gcaaaaaagg gaataagggc	3360	30
gacacggaaa tggtgaatac tcatactctt cttttttcaa tattattgaa gcatttatca	3420	35
gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata aacaaatagg	3480	
ggttccgcgc acatttcccc gaaaagtgcc acctgacgtc taagaaacca ttattatcat	3540	40
gacattaacc tataaaaaata ggcgtatcac gaggccttt cgtc	3584	45
<210> 36		50
<211> 4507		
<212> DNA		
<213> Unknown		55
<220>		
<223> Sequenz stellt eine pflanzliche		60
Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor		
pUC19 dar		
<400> 36		65

DE 102 19 203 A 1

tcgcgcgttt cggtgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccc gagacgggtca 60
 5 cagcttgtct gtaagcggat gccggggagca gacaagcccc tcagggcgcg tcagcgggtg 120
 ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180
 10 accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240
 15 attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcgggccc tcttcgctat 300
 tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360
 20 tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccc agctcctcga 420
 25 gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480
 gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataacacct 540
 30 tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600
 35 tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatttc 660
 tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttaattgtt 720
 40 gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780
 45 taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggtttag taatttttca 840
 agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt 900
 50 ttaaaaatat tttggaaatg atttgcattg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960
 55 ggaggatgca ataataaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020
 atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080
 60 taattttctt atagccagcc caccgcgggtg ggccggccgc tgcagtctag aaggcctcct 1140
 65 gctttaatga gatatgcgag acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt 1200

DE 102 19 203 A 1

gcacgttgta aaaaacctga gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggt ttcggttcatt	1260	
tctaataaat atatcacccg ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt	1320	5
tactgattgt ccgtcgagca aatttacaca ttgccactaa acgtctaaac ccttgtaatt	1380	
tggttttggt ttactatgtg tggtatgtat ttgatttgcg ataaattttt atatttggtta	1440	10
ctaaatttat aacacctttt atgctaacgt ttgccaacac ttagcaattt gcaagttgat	1500	15
taattgattc taaattattt ttgtcttcta aatacatata ctaatcaact ggaaatgtaa	1560	
atatttgcta atattttctac tataggagaa ttaaagttag tgaatatggt accacaaggt	1620	20
ttggagattt aattgttgca atgctgcacg gatggcatat acaccaaaca ttcaataatt	1680	25
cttgaggata ataattgtac cacacaagat ttgaggtgca tgaacgtcac gtggacaaaa	1740	
ggtttagtaa tttttcaaga caacaatggt accacacaca agttttgagg tgcacgcatg	1800	30
gatgccctgt ggaaagttaa aaaatatttt ggaaatgatt tgcacggaag ccatgtgtaa	1860	35
aaccatgaca tccacttgga ggatgcaata atgaagaaaa ctacaaattt acatgcaact	1920	
agttatgcat gtagtctata taatgaggat ttgcaatc tttcattcat acacactcac	1980	40
taagttttac acgattataa tttcttcata gccagcggat ccgatatcgg gcccgctagc	2040	45
gttaaccctg ctttaatgag atatgcgaga cgcctatgat cgcacgatat ttgctttcaa	2100	
ttctgttggt cacgttgtaa aaaacctgag catgtgtagc tcagatcctt accgccggtt	2160	50
tcggttcatt ctaatgaata tatcacccgt tactatcgtt tttttatgaa taatattctc	2220	55
cgttcaattt actgattgtc ccgtcgacgaa ttcgagctcg gcgcgccaag cttggcgtaa	2280	
tcacggtcat agctgtttcc tgtgtgaaat tggtatccgc tcacaattcc acacaacata	2340	60
cgagccggaa gcataaagtg taaagcctgg ggtgcctaata gactgagcta actcacatta	2400	65

DE 102 19 203 A 1

attgcgttgc gctcactgcc cgctttccag tcgggaaacc tgtcgtgcca gctgcattaa 2460
5 tgaatcggcc aacgcgcggg gagaggcggg ttgcgtattg ggcgctcttc cgcttcctcg 2520
ctcactgact cgctgcgctc ggtcgttcgg ctgcggcgag cggtatcagc tcaactcaaag 2580
10 gcggtataac gggtatccac agaatacagg gataacgcag gaaagaacat gtgagcaaaa 2640
15 ggccagcaaa aggccaggaa ccgtaaaaag gccgcgttgc tggcgttttt ccataggctc 2700
cgccccctg acgagcatca caaaaatcga cgctcaagtc agaggtggcg aaacccgaca 2760
20 ggactataaa gataccaggc gtttccccct ggaagctccc tcgtgcgctc tcctgttccg 2820
accctgccgc ttaccggata cctgtccgcc tttctccctt cgggaagcgt ggcgctttct 2880
25 catagctcac gctgtaggta tctcagttcg gtgtaggtcg ttcgctccaa gctgggctgt 2940
30 gtgcacgaac cccccgttca gcccgaccgc tgcgccttat ccggtacta tcgtcttgag 3000
tccaacccgg taagacacga cttatcgcca ctggcagcag ccaactggtaa caggattagc 3060
35 agagcgaggg atgtagggcg tgctacagag ttcttgaagt ggtggcctaa ctacggctac 3120
40 actagaagga cagtatttgg tatctgcgtc ctgctgaagc cagttacctt cggaaaaaga 3180
gttgtagct cttgatccgg caaacaacc accgctggta gcggtgggtt tttgtttgc 3240
45 aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaagga tctcaagaag atcctttgat cttttctacg 3300
50 gggctctgacg ctcaagtggaa cgaaaactca cgtaaggga ttttggtcat gagattatca 3360
aaaaggatct tcacctagat ctttttaa ataaatgaa gttttaaatc aatctaaagt 3420
55 atatagagt aaacttggc tgacagttac caatgcttaa tcagtgggc acctatctca 3480
60 gcgatctgtc tatttcgttc atccatagtt gcctgactcc ccgtcgtgta gataactacg 3540
atacgggagg gcttaccatc tggccccagt gctgcaatga taccgcgaga cccacgtca 3600
65

DE 102 19 203 A 1

ccggctccag atttatcagc aataaaccag ccagccggaa gggccgagcg cagaagtggg	3660	
cctgcaactt tatccgcctc catccagtct attaattgtt gccgggaagc tagagtaagt	3720	5
agttcgccag ttaatagttt gcgcaacggt gttgccattg ctacaggcat cgtgggtgtca	3780	
cgctcgtcgt ttggtatggc ttcattcagc tccggttccc aacgatcaag gcgagttaca	3840	10
tgatccccc tgttggtgcaa aaaagcgggt agtccttcg gtctccgat cgttggtcaga	3900	15
agtaagttgg ccgcagtgtt atcactcatg gttatggcag cactgcataa ttctcttact	3960	
gtcatgccat ccgtaagatg cttttctgtg actggtgagt actcaaccaa gtcattctga	4020	20
gaatagtgtg tgccggcgacc gagttgctct tgcccggcgt caatacggga taataccgcg	4080	25
ccacatagca gaactttaaa agtgctcatc attggaaaac gttcttcggg gcgaaaactc	4140	
tcaaggatct taccgctgtt gagatccagt tcgatgtaac ccactcgtgc acccaactga	4200	30
tcttcagcat cttttacttt caccagcgtt tctgggtgag caaaaacagg aaggcaaaat	4260	35
gccgcaaaaa agggaataag ggcgacacgg aaatgttgaa tactcatact cttccttttt	4320	
caatattatt gaagcattta tcagggttat tgtctcatga gcggatacat atttgaatgt	4380	40
atthagaaaa ataaacaaat aggggttccg cgcacatttc cccgaaaagt gccacctgac	4440	45
gtctaagaaa ccattattat catgacatta acctataaaa ataggcgtat caggaggccc	4500	
tttcgtc	4507	50
<210> 37		55
<211> 5410		
<212> DNA		
<213> Unknown		60
<220>		
<223> Sequenz stellt eine pflanzliche		65

DE 102 19 203 A 1

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

5
<400> 37
ttttggaaat gatttgcacg gaagccatgt gtaaaaccat gacatccact tggaggatgc 60
10
aataatgaag aaaactacaa atttacatgc aactagttat gcatgtagtc tatataatga 120
15
ggattttgca atactttcat tcatacacac tcactaagtt ttacacgatt ataattttctt 180
catagccagc ggatccgata tcgggcccgc tagcggttaac cctgctttaa tgagatatgc 240
20
gagacgccta tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt gtaaaaaacc 300
25
tgagcatgtg tagctcagat ccttaccgcc ggtttcgggt cattctaattg aatatatcac 360
ccgttactat cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga 420
30
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480
35
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataaacacct 540
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa ttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600
40
tttttgcttt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatctc 660
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttttaattggt 720
45
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780
50
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggtttag taatttttca 840
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgccc tgtggaaagt 900
55
ttaaaaatat tttggaaatg atttgcacg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960
60
ggaggatgca ataataaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080
65

DE 102 19 203 A 1

taattttcttc atagccagca gatctgccgg catcgatccc gggccatggc ctgctttaat	1140	
gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctggt gtgcacgttg	1200	5
taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccg gtttcggttc attctaata	1260	
atatacacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa tttactgatt	1320	10
gtccgctgac gagctcggcg cgccaagctt ggcgtaatca tggcatagc tgtttctctg	1380	15
gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa	1440	
agcctggggg gcctaataag tgagctaact cacattaatt gcgttgcgct cactgcccgc	1500	20
tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga atcggccaac gcgcggggag	1560	25
aggcggtttg cgtattgggc gctcttcgcg ttctctgctc actgactcgc tgcgctcggt	1620	
cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggg tatccacaga	1680	30
atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg	1740	35
taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc cccctgacg agcatcaca	1800	
aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcgtt	1860	40
tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttcgacc ctgccgtta ccggatacct	1920	45
gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct	1980	
cagttcggtg taggtcggtc gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc	2040	50
cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc aaccggtaa gacacgactt	2100	55
atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcgggtg	2160	
tacagagttc ttgaagtggg ggcctaacta cggctacact agaaggacag tatttggtat	2220	60
ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaagaggtt ggtagctctt gatccggcaa	2280	65

DE 102 19 203 A 1

acaaaccacc gctggtagcg gtgggtttttt tgtttgcaag cagcagatta cgcgagaaa 2340
 5 aaaaggatct caagaagatc ctttgcattt ttctacgggg tctgacgctc agtggaaacga 2400
 aaactcacgt taagggaattt tggatcatgag attatcaaaa aggatcttca cctagatcct 2460
 10 tttaaattaa aaatgaagtt ttaaataaat ctaaagtata tatgagtaaa cttgggtctga 2520
 15 cagttaccaa tgcttaataca gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcac 2580
 catagttgcc tgaactccccg tegtgtagat aactacgata cgggagggct taccatctgg 2640
 20 cccagtgct gcaatgatac cgcgagacc acgtcacccg gctccagatt tatcagcaat 2700
 25 aaaccagcca gccggaaggg ccgagcgagc aagtggctct gcaactttat ccgcctccat 2760
 ccagtctatt aattgttgcc gggaagctag agtaagtagt tcgccagtta atagtttgcg 2820
 30 caacgttggt gccattgcta caggcatcgt ggtgtcacgc tcgtcgtttg gtatggcttc 2880
 35 attcagctcc ggttcccaac gatcaaggcg agttacatga tccccatgt tgtgcaaaaa 2940
 agcggttagc tccttcggtc ctccgatcgt tgtcagaagt aagtggccg cagtgttate 3000
 40 actcatgggt atggcagcac tgcataatc tcttactgtc atgccatccg taagatgctt 3060
 45 ttctgtgact ggtgagtact caaccaagtc attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag 3120
 ttgctcttgc ccggcgtaaa tacgggataa taccgcgcca catagcagaa ctttaaaagt 3180
 50 gctcatcatt ggaaaacgtt cttcggggcg aaaactctca aggatcttac cgctgttgag 3240
 atccagttcg atgtaacca ctctgtcacc caactgatct tcagcatctt ttactttcac 3300
 55 cagcgtttct ggggtgagcaa aaacaggaag gcaaaatgcc gcaaaaaagg gaataagggc 3360
 60 gacacggaaa tgttgaatac tcatactctt cttttttcaa tattattgaa gcatttatca 3420
 65 gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata aacaaatagg 3480

DE 102 19 203 A 1

ggttccgcgc acatttcccc gaaaagtgcc acctgacgtc taagaaacca ttattatcat 3540
 gacattaacc tataaaaata ggcgtatcac gaggcccttt cgtctcgcgc gtttcggtga 3600 5
 tgacggtgaa aacctctgac acatgcagct cccggagacg gtcacagctt gtctgtaagc 3660
 ggatgccggg agcagacaag cccgtcaggg cgcgtcagcg ggtgttggcg ggtgtcgggg 3720 10
 ctggcttaac tatgcggcat cagagcagat tgtactgaga gtgcaccata tgcggtgtga 3780 15
 aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 3840
 gcgcaactgt tgggaagggc gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 3900 20
 agggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgccca gggttttccc agtcacgacg 3960 25
 ttgtaaaacg acggccagtg aattcggcgc gccgagctcc tcgagcaaat ttacacattg 4020
 ccactaaacg tctaaaccct tgtaatttgt ttttgtttta ctatgtgtgt tatgtatttg 4080 30
 atttgcgata aatttttata tttggtacta aatttataac accttttatg ctaacgtttg 4140 35
 ccaacactta gcaatttgca agttgattaa ttgattctaa attatttttg tcttctaaat 4200
 acatatacta atcaactgga aatgtaaata tttgctaata tttctactat aggagaatta 4260 40
 aagtgagtga atatggtacc acaaggtttg gagatttaat tgttgcaatg ctgcatggat 4320 45
 ggcatataca ccaaacattc aataattctt gaggataata atggtaccac acaagatttg 4380
 aggtgcatga acgtcacgtg gacaaaaggt ttagtaattt ttcaagacaa caatgttacc 4440 50
 acacacaagt tttgaggtgc atgcatggat gccctgtgga aagtttataaa atattttgga 4500 55
 aatgatttgc atggaagcca tgtgtaaaac catgacatcc acttgaggga tgcaataatg 4560
 aagaaaacta caaatttaca tgcaactagt tatgcatgta gtctatataa tgaggatttt 4620 60
 gcaatacttt cattcatata cactcactaa gttttacacg attataattt cttcatagcc 4680 65

DE 102 19 203 A 1

agcccaccgc ggtgggaggc cgctgcagt ctagaaggcc tctgcttta atgagatatg 4740
 5 cgagacgcct atgatcgcat gatatttget ttcaattctg ttgtgcacgt tgtaaaaaac 4800
 ctgagcatgt gtagctcaga tccttaccgc cggtttcggt tcattctaata gaatatatca 4860
 10 cccgttacta tcgtatTTTT atgaataata ttctccgttc aatttactga ttgtccgtcg 4920
 15 agcaaattta cacattgcc acaaacgtct aaacccttgt aatttgTTTT tgTTTTacta 4980
 tgtgtgttat gtatttgatt tgcgataaat ttttatattt ggtactaaat ttataacacc 5040
 20 ttttatgcta acgtttgcc acacttagca atttgcaagt tgattaattg attctaaatt 5100
 25 atttttgtct tctaaatata tataactaatc aactggaaat gtaaataattt gctaataattt 5160
 ctactatagg agaattaaag tgagtgaata tgggtaccaca aggtttggag atttaattgt 5220
 30 tgcaatgctg catggatggc atatacacca aacattcaat aattcttgag gataataatg 5280
 35 gtaccacaca agatttgagg tgcattgaacg tcacgtggac aaaaggTTTA gtaatttttc 5340
 aagacaacaa tgttaccaca cacaagTTTT gaggtgcatg catggatgcc ctgtggaaag 5400
 40 tttaaaaata 5410
 45 <210> 38
 <211> 12093
 <212> DNA
 50 <213> Unknown
 <220>
 55 <223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer
 Promotor-Terminator-Expressionskassette
 60 <400> 38
 gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60
 65 gcgcccagca cagggtgcga ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcc 120

DE 102 19 203 A 1

tagtgggagg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc	180	
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt	240	5
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga	300	
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca	360	10
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggtcg	420	15
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacggtt ggggggttcag cagccggcgc	480	
tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg	540	20
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg	600	25
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg	660	
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct	720	30
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca	780	35
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca	840	
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag	900	40
ccggtccgga cgcagcgctt gagcaggggac tcgccgtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa	960	45
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc	1020	
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt	1080	50
ccaccgcgtc agacgcccggt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt	1140	55
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccggcctt tggcgctctt ccgcttcctc	1200	
gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa	1260	60
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa	1320	65

DE 102 19 203 A 1

aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380
 5 cgcggccct gacgagcatc aaaaaaatcg acgtcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
 aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500
 10 gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560
 15 ccgctgcata acctgtctc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620
 tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680
 20 ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740
 25 ctgtccctta ttgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800
 ctaccgccg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
 30 agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
 35 agggggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980
 aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcac c aatggcgacc 2040
 40 tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100
 45 tcggtgatgc cacgatctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160
 gcaaggtcat gatggcgctg gtccgccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220
 50 aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtccca tgcgtccat caagaagagc 2280
 55 gacttcgagg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340
 gacgtcacc gggctggttg cctcgcgc tggtgtggc gccgtctatg gccctgcaaa 2400
 60 cgcgccagaa acgccgtcga agcgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata 2460
 65 cctcgcggaa aacttgccc tcaactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc 2520

DE 102 19 203 A 1

cgactcaccg ggcgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580

gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcttgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640 5

gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700

tgacagatga, ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760 10

gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820 15

ccgcccgttt ttggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880

aaaccttgtt ttaaccagg gctgcgcctt gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940 20

tgccccctt tctgaaccc tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000 25

tgccccctc ggccgcgaac ggctcacc caaaaatggc agcgtggca gtccttgcca 3060

ttgcgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120 30

ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180 35

gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240

cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300 40

tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggtg ataggtaaga ttataccgag 3360 45

gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420

ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480 50

tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540 55

ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaaact 3600

tgcatggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660 60

attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720 65

DE 102 19 203 A 1

tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
 5 gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
 gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcgccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
 10 cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
 15 atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
 gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080
 20 tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
 25 cgtgttgagg ccaacgceca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200
 catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260
 30 ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtgc ttttgccgtt 4320
 35 acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
 agcacctcaa aaacaccatc atactactaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440
 40 tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
 45 aaaagctggt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
 cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620
 50 taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
 gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctggtggg agaaaatgaa 4740
 55 aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
 60 gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
 65 gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920

DE 102 19 203 A 1

gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980	
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040	5
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100	10
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag 5160	
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220	15
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280	
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340	20
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400	25
ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460	
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTtg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt 5520	30
gggcaagggg tcgctggat tctgtcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580	35
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640	
ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700	40
cccgcaagga gggTgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760	45
cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820	
gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatggTccag caagctacgg ccaagatcga 5880	50
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcggccg ccgtggagcg 5940	55
ttcgcgtcgt ctgaaacagg agggcgcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000	
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060	60
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aatgcagct 6120	65

DE 102 19 203 A 1

ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cactgatgca gcatgcca acgacacggc 6180
 5 ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaaca gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
 ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300
 10 cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
 15 cgagccgac accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420
 ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgcta caggcgacgg cgatgggctt 6480
 20 cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
 ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
 25 gtttgcctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgcgcccac 6660
 30 ggcccagcgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720
 35 aaccttcgc ctcattgtgc gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
 cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct ggtcaatga 6840
 40 tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900
 45 agccagcgtt ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gtcgacgca cttgcttcgc 6960
 tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgtc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
 50 ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc 7080
 55 cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tggtcgggtc cgtttacgag 7140
 cactgaggaga aaaagcccat ggaggcgttc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
 60 ggcgctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggctt tcaaacagga ggacggcccc 7260
 65 aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gtttctgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320

DE 102 19 203 A 1

ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcggtg ccggcggggt tattgctcgt gatgatcgtc 7380
 cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tctcggcgcc acttaatat 7440 5
 tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggctcgccgcg 7500 10
 acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcattc ctgccgtctc gctaggtagc 7560
 ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620 15
 gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggccggggcg 7680 20
 gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740
 acctttaccg cctggcaact ggccggccga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800 25
 tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860
 ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920 30
 acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980 35
 catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctga ccattcgggt agcaatggat 8040
 aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttctcag 8100 40
 cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160 45
 cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220
 tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280 50
 tcatccgtgt ttcaaaccgc gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340 55
 gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400
 gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggctc gggagctgtt ggctggctgg 8460 60
 tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520 65

DE 102 19 203 A 1

gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
 5 tgcctttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640
 gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataatcaaaa 8700
 10 agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
 15 gaacgtggac tccaacgtca aaggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820
 tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880
 20 ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
 25 ggaagggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000
 gatcgggtcg ggctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
 30 gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120
 35 aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaattttt attgataaaa taacaagtca 9180
 ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240
 40 tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
 45 tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360
 agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
 50 tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaagctct 9480
 55 tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540
 ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
 60 tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660
 65 agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720

DE 102 19 203 A 1

gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780
 gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840 5
 gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
 tcccttcccg cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960 10
 agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020 15
 ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
 ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140 20
 cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200 25
 tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260
 agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320 30
 acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380 35
 tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaacgg cttgtcccg 10440
 gtcacggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatgatc ttgatccct 10500 40
 gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560 45
 cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620
 gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctcttg cgcttgcggtt 10680 50
 ttcccttgc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgagg 10740 55
 actggcttcc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgaggca 10800
 gcgtgaagct tgcatgcctg caggtcgacg gcgcgccgag ctctcgagc aaatttacac 10860 60
 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920 65

DE 102 19 203 A 1

tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980
 5 tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040
 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100
 10 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
 15 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280
 20 taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
 25 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460
 30 ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat 11520
 35 agccagccca ccgcggtggg cgccgcctg cagtctagaa ggcctcctgc tttaatgaga 11580
 tatgcgagac gcctatgatc gcatgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640
 40 aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgcggttt cggttcattc taatgaatat 11700
 45 atcacccgtt actatcgat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760
 gtcgacgaat tcgagctcgg cgcgcctcta gaggatcgat gaattcagat cggctgagtg 11820
 50 gctccttcaa cgttgcggtt ctgtcagttc caaacgtaaa acggcttgtc ccgcgtcatc 11880
 55 ggccgggggtc ataacgtgac tcccttaatt ctccgctcat gatcagattg tcgtttcccg 11940
 ccttcagttt aaactatcag tgtttgacag gatatttgg cgggtaaacc taagagaaaa 12000
 60 gagcgtttat tagaataatc ggatatttaa aagggcgtga aaaggtttat ccttcgtcca 12060
 65 tttgtatgtg catgccaacc acagggttcc cca 12093

DE 102 19 203 A 1

<210> 39

<211> 12085

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer
Promotor-Terminator-Expressionskassette

<400> 39

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcac acagcgccag cagaatgccca 120
tagtggggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacggtt ggggggttcag cagccggcgc 480
tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540
cggagaaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgttccctct 720
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840

DE 102 19 203 A 1

ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgcggggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900
 5 ccggtccgga cgcagcgttc gagcagggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960
 ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020
 10 tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080
 15 ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgcctt gccctagcgt 1140
 ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccggccttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200
 20 gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttct gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260
 25 ggcggttaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320
 aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgctt ctggcgcttt tccataggct 1380
 30 ccgccccctt gacgagcatc aaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
 35 aggactataa agataccagg cgtttcccc tcggaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500
 gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctcct tcgggaagcg tggcgctttt 1560
 40 ccgctgcata acctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620
 45 tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680
 ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccaccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740
 50 ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800
 ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
 55 agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
 60 aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980
 65 aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcatc aatggcgacc 2040

DE 102 19 203 A 1

tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgacccgcgc acggcgcggt 2100
 tcggtgatgc cagcatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160 5
 gcaaggatcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220
 aacggccggg ggggtgcgct gattgccaaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280 10
 gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga ggccttttgc 2340 15
 gacgctcacc gggctggttg cctcgcgcgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
 cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata 2460 20
 cctcgcggaa aacttgcccc tcaactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520 25
 cgactcaccg ggcgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
 gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcttgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640 30
 gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700 35
 tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760
 gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820 40
 ccgcccgttt ttggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880 45
 aaaccttggt ttttaaccagg gctgcgcctt gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
 tgccccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccagggggc 3000 50
 tgcgcccctc ggccgcgaac ggctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060 55
 ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
 ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180 60
 gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcattg 3240 65

DE 102 19 203 A 1

cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggg gccgtgctcg 3300
 5 tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggtg ataggtaaga ttataccgag 3360
 gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
 10 ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
 15 tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540
 ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600
 20 tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660
 25 attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720
 tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccagggt 3780
 30 gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
 35 gcagctttcc cttcaggcgg gattcatata gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
 cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
 40 atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
 45 gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgagacg atgacgtcac 4080
 tgcccggtg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
 50 cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgccgg catccaacgc cattcatggc 4200
 55 catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260
 ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgtgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320
 60 acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
 65 agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440

DE 102 19 203 A 1

tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga	4500	
aaaagctggt ttctgggtatt taagggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt	4560	5
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa	4620	
taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680	10
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aagggtatata agctgggtggg agaaaatgaa	4740	15
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg	4800	
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt	4860	20
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg	4920	25
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac	4980	
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc	5040	30
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg	5100	35
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag	5160	
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa	5220	40
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat	5280	45
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag	5340	
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatTTTA	5400	50
ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg	5460	55
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTgg ctctcaggcc gaggcccaacg gcaagtattt	5520	
gggcaagggg tcgctgggtat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga	5580	60
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa	5640	65

DE 102 19 203 A 1

ggcaccaggc ggggtcaaatac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700

5 cccgcaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760

cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820

10 gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880

15 gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcggccg ccgtggagcg 5940

ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacggc 6000

20 aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060

25 cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120

ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgca gcgatgcaa acgacacggc 6180

30 ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240

35 ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcgggc 6300

cgacgatgac gaactgggtg ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360

40 cgagccgac accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420

45 ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480

cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540

50 ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600

55 gtttgcgtgc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660

ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtacccgc tcaagctgga 6720

60 aaccttcgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780

65 cggcgaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggtcaatga 6840

DE 102 19 203 A 1

tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc	6900	
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc	6960	5
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa	7020	10
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc	7080	
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag	7140	15
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc	7200	20
ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtct tcaaacagga ggacggcccc	7260	
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga	7320	25
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcggtt ccggcggtt tattgctcgt gatgatcgtc	7380	30
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tctcggcgc acttaatatt	7440	
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggtcgcggcg	7500	35
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc	7560	
ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg	7620	40
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtccgctcg cagcgggcct ggcgggggcg	7680	45
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc	7740	
acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttcagc agcttttagtg	7800	50
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc	7860	55
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgc actcgaacct	7920	
acagttgttt cttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg	7980	60
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctga ccattcgggt agcaatggat	8040	65

DE 102 19 203 A 1

aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gtttcctcag 8100
 5 cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160
 cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220
 10 tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
 15 tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340
 gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400
 20 gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460
 25 tggcaggata tatttggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcy 8520
 gacgttttta atgtactggg gtggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
 30 tgcccttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640
 35 gcaggcgaaa atcctgtttg atgggtggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
 agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
 40 gaacgtggac tccaacgtca aaggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820
 45 tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880
 ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
 50 ggaagggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000
 gatcggtgcy ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
 55 gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120
 60 aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180
 65 ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240

DE 102 19 203 A 1

tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta	9300	
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct	9360	5
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa	9420	
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaagctct	9480	10
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcttgatagc ggtccgccac acccagccgg	9540	15
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca ttttccacca tgatattcgg caagcaggca	9600	
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac	9660	20
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg	9720	25
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag	9780	
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg	9840	30
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag	9900	35
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc	9960	
agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc	10020	40
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag	10080	45
ccgattgtct gttgtgccca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa	10140	
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga	10200	50
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc	10260	55
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga	10320	
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcgggc	10380	60
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccg	10440	65

DE 102 19 203 A 1

gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gctcatgac ttgatcccct 10500

5 gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560

cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620

10 gtctagctat cgccatgtaa gcccaactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680

15 ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740

actggctttc tacgtgttcc gtttccttta gcagcccttg cgccttgagt gcttgcgcca 10800

20 gcgtgaagct tgcatgcctg caggtcgacg gcgcgccgag ctctcgagc aaatttacac 10860

25 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920

tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacacctt tatgctaacg 10980

30 tttgccaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040

35 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100

attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160

40 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220

45 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280

taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgcctg tggaaagttt aaaaatatat 11340

50 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400

55 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460

ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520

60 agccagcgga tccgatatcg ggcccgtag cgtaaccct gctttaatga gatatgcgag 11580

65 acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt gcacgttgta aaaaacctga 11640

DE 102 19 203 A 1

gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggt ttcggttcat tctaataat atatcacccg 11700

ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt tactgattgt ccgtcgacga 11760 5

attcgagctc ggcgcgctc tagaggatcg atgaattcag atcggctgag tggctccttc 11820

aacgttgagg ttctgtcagt tccaaacgta aaacggcttg tcccgcgta cggcggggg 11880 10

tcataacgtg actcccttaa ttctccgctc atgatcagat tgcggtttcc cgccttcagt 11940 15

ttaaactatc agtggttgac aggatatatt ggcgggtaaa cctaagagaa aagagcggtt 12000

attagaataa tcggatattt aaaagggcgt gaaaagggtt atccttcgct catttgatg 12060 20

tgcatgccaa ccacagggtt cccca 12085 25

<210> 40 30

<211> 12079

<212> DNA

<213> Unknown 35

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer 40
Promotor-Terminator-Expressionskassette

<400> 40 45

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcc 120 50

tagtgggagg tgacgtcgtt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180

ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240 55

atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300 60

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360

tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420 65

DE 102 19 203 A 1

gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggtt ggggggttcag cagccggcgc 480

5 tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600

10 ggaatgcccc cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660

15 ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720

gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780

20 ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcgggcgca 840

25 ccgttgaaca ggetccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900

ccggtccgga cgcagcgctc gagcaggac tcgcggtgat tgctgatgga ttggcgaaaa 960

30 ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020

35 tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080

ccaccgctc agacgcccg agcagccgc tacgggcttt ttcattgcct gccctagcgt 1140

40 ccaagcctca cggccgctc cggcctctct ggcggccttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200

45 gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctcaactcaa 1260

ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320

50 aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgcttt tccataggct 1380

55 ccgccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440

aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgctcct ctctgttcc 1500

60 gaccctgccg cttaccgat acctgtccgc ctttctcct tcgggaagcg tggcgctttt 1560

65 ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccctcctttt 1620

DE 102 19 203 A 1

tgcgacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac	1680	
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca	1740	5
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgetca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg	1800	
ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga	1860	10
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa	1920	15
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca	1980	
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcac c atggcgacc	2040	20
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt	2100	25
tcggtgatgc cacgatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg	2160	
gcaaggatcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa	2220	30
aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc	2280	35
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc	2340	
gacgctcacc gggctggttg ccctgcgcgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa	2400	40
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata	2460	45
cctcgcggaa aacttgccc tcaactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc	2520	
cgactcacc gccgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg	2580	50
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgctgattt tacgcgagtt tcccacagat	2640	55
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac	2700	
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc	2760	60
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt	2820	65

DE 102 19 203 A 1

ccgcccgttt ttcggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatattat 2880

5 aaaccttggt ttttaaccagg gctgcgccct gtgcgcggtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940

tgccccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacggggg cctcccatcc ccccaggggc 3000

10 tgcgcccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060

15 ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120

ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180

20 gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcattg 3240

25 cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300

tggtcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360

30 gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420

35 ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480

tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540

40 ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600

45 tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660

attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720

50 tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780

55 gctgcctcag attcagggtt tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840

gcagctttcc cttcaggcgg gattcatata ggggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900

60 cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960

65 atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020

DE 102 19 203 A 1

gcgatttagc cccgacatag ccccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac	4080	
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat	4140	5
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc	4200	
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg	4260	10
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtgc ttttgccgtt	4320	15
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg	4380	
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca cccataattg	4440	20
tggtttcaaa atcgggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga	4500	25
aaaagctggt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt	4560	
cttggtataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa	4620	30
taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680	35
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctggtggg agaaaatgaa	4740	
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg	4800	40
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt	4860	45
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg	4920	
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac	4980	50
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc	5040	55
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg	5100	
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag	5160	60
ccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa	5220	65

DE 102 19 203 A 1

gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtgggtat 5280
 5 gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340
 ctattttttg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400
 10 ctggatgaat tgtttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
 15 caccgacttc ttccgcatca agtggttttg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt 5520
 gggcaagggg tcgctggtat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580
 20 cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
 25 ggcaccaggc ggggtcaaac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
 cccgcaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760
 30 cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaaccg tcatgcgtgc 5820
 35 gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
 gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccacggccg ccgtggagcg 5940
 40 ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
 45 aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060
 cgaggccaag caggccgctg tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
 50 ttccttggtc gatattgctc cgtggccgga cacgatgca gcgatgcaa acgacacggc 6180
 55 ccgtctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccc cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
 ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcgggc 6300
 60 cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
 65 cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420

DE 102 19 203 A 1

ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt	6480	
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgct tccgcgtcct	6540	5
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct	6600	
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac	6660	10
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga	6720	15
aaccttcgc ctcattgtgc gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt	6780	
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggg gaacacgcct gggccaatga	6840	20
tgacctggg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc	6900	25
agccagcgt ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gtcgacgca cttgcttcgc	6960	
tcagtatgc tcgggacgca cggcgcgtc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa	7020	30
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc	7080	35
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gtcacagaga tggtcgggtc cgtttacgag	7140	
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgttc gctgaacggg tgcgagatgc cgtggcattc	7200	40
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc	7260	45
aaggacgtc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga	7320	
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc	7380	50
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaattatt	7440	55
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgg ggtcggggcg	7500	
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc	7560	60
ccgatacgat tgatggcggc cctgggggct atttcggaa ctgcgggcgt ggcgctgttg	7620	65

DE 102 19 203 A 1

gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctcg cagcgggcct ggcgggggag 7680

5 gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccgt gcctctgctc 7740

acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800

10 tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860

15 ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actogaacct 7920

acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980

20 catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggtg agcaatggat 8040

25 aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100

cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagtgc tcaagatcga cagcctgtca 8160

30 cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgagag ggagatgata 8220

35 tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgagaga 8280

tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340

40 gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400

45 gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggctg gggagctgtt ggctggctgg 8460

tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgag 8520

50 gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580

55 tgcccttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640

gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700

60 agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760

65 gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820

DE 102 19 203 A 1

tgaacatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa	8880	
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa	8940	5
ggaaggggaag aaagcgaaag gagcgggcgc cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc	9000	
gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc	9060	10
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg	9120	15
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaattttt attgataaaa taacaagtca	9180	
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt	9240	20
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta	9300	25
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct	9360	
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa	9420	30
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct	9480	35
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg	9540	
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca	9600	40
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac	9660	45
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg	9720	
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag	9780	50
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg	9840	55
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag	9900	
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgctcgtggc	9960	60
agccacgata gccgcgctgc ctgctcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc	10020	65

DE 102 19 203 A 1

ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
 5 ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140
 cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
 10 tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260
 15 agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgacctagg cgacttttga 10320
 acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380
 20 tgagtggctc cttcaacggt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccgc 10440
 25 gtcacggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcacgatc ttgatccct 10500
 gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560
 30 cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620
 35 gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcgtt 10680
 ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgagg 10740
 40 actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800
 45 gcgtgaagct tgcattgctg caggtcgacg gcgcgccgag ctctcgagc aaatttacac 10860
 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920
 50 tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacacctt tatgctaacg 10980
 55 tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040
 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100
 60 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
 65 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220

DE 102 19 203 A 1

ttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280
 taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460
 ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagcattata atttcttcat 11520
 agccagcaga tctgccggca tcgatcccgg gccatggcct gctttaatga gatatgcgag 11580
 acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt gcacgttgta aaaaacctga 11640
 gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggg ttcggttcat tctaataaat atatcacccg 11700
 ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt tactgattgt ccgtcgacga 11760
 gctcggcgcg cctctagagg atcgatgaat tcagatcggc tgagtggctc cttcaacggt 11820
 gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccgc gtcacggcg ggggtcataa 11880
 cgtgactccc ttaattctcc gctcatgac agattgtcgt ttccgcctt cagtttaaac 11940
 tatcagtgtt tgacaggata tattggcggg taaacctaag agaaaagagc gtttattaga 12000
 ataatcggat atttaaaagg gcgtgaaaag gtttatcctt cgtccatttg tatgtgcatg 12060
 ccaaccacag ggttcccca 12079

<210> 41

<211> 13002

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit zwei
 Promotor-Terminator-Expressionskassetten

DE 102 19 203 A 1

<400> 41

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60
5 gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcca 120
10 tagtgggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240
15 atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300
20 ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtataaaa gtgtcaagca 360
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420
25 gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt gggggttcag cagccggcgc 480
30 tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600
35 ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660
40 ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780
45 ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcgga 840
ccgttgaaca ggctccgctc tcgcgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900
50 ccggtccgga cgcagcggtc gagcagggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960
55 ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080
60 ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140
65

DE 102 19 203 A 1

ccaagcctca cggcgcgcgt cggcctctct ggcggccttc tggcgctctt ccgcttcctc	1200	
gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa	1260	5
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa	1320	
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct	1380	10
ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac	1440	15
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctcgctgcgt ctctgttcc	1500	
gacctgccc cttaccggat acctgtccgc cttctccct tcgggaagcg tggcgctttt	1560	20
ccgctgcata acctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccactctttt	1620	25
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac	1680	
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca	1740	30
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg	1800	35
ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga	1860	
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa	1920	40
agggcgccggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca	1980	45
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcac c aatggcgacc	2040	
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctaccga cgaccgcgc acggcgcggt	2100	50
tcggtgatgc cagcatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg	2160	55
gcaaggcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa	2220	
aacggccggg gggcgcgcgt gattgccaag cacgtcccca tgcgtccat caagaagagc	2280	60
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc	2340	65

DE 102 19 203 A 1

gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
 5 cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata 2460
 cctcgcgga aacttgccc tcaactgacag atgagggggc gacgttgaca cttgaggggc 2520
 10 cgactcacc ggcgcgcggt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
 15 gagctggcca gcctcgcaaa tggcgaaaa cgctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
 gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700
 20 tgacagatga ggggcgcat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760
 gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaaggggtt 2820
 ccgcccgtt ttggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880
 30 aaaccttggt tttaaccagg gctgcgccct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
 35 tgccccct tctegaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000
 tgccccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060
 40 ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
 45 ttgacgtgcc gcagggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180
 gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcattg 3240
 50 cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcggt gccgtgctcg 3300
 55 tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360
 gtatgaaaac gagaattgga ctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
 60 ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgaaa 3480
 65 tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540

DE 102 19 203 A 1

ggcaaggcat aggagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact	3600	
tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata	3660	5
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt	3720	
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt	3780	10
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt	3840	15
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca	3900	
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgcctatagt cgttcaccga	3960	20
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatagc gtaaaacagc cagcgctggc	4020	25
gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac	4080	
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat	4140	30
cgtgttgagg ccaacgccc -taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc	4200	35
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg	4260	
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtgc ttttgccgtt	4320	40
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg	4380	45
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg	4440	
tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga	4500	50
aaaagctggt ttctggtatt taagggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt	4560	55
cttggtataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa	4620	
taaatggcta aaatgagaat atcaccgga ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680	60
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctggtggg agaaaatgaa	4740	65

DE 102 19 203 A 1

aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
 5 gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
 gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920
 10 gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
 15 aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040
 ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100
 20 gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag 5160
 25 cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220
 gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280
 30 gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340
 35 ctattttttg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400
 ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
 40 caccgacttc ttccgcatca agtgttttgg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtat 5520
 45 gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580
 cggccagacg gtctacggga ccgacttcac tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
 50 ggcaccaggc ggggtcaaac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
 55 cccgcaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760
 cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820
 60 gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
 65 gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcggccg ccgtggagcg 5940

DE 102 19 203 A 1

ttcgcgtcgt ctcgaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg	6000	
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacagggtcag	6060	5
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct	6120	
ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgcaa acgacacggc	6180	10
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa	6240	15
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc	6300	
cgacgatgac gaactgggtg ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg	6360	20
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg	6420	25
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt	6480	
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct	6540	30
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct	6600	35
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac	6660	
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgcg tcaagctgga	6720	40
aaccttcgc ctcattgtgc gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt	6780	45
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggatcaatga	6840	
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtc gttccggctg ggggttcagc	6900	50
agccagcgtt ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc	6960	55
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa	7020	
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc	7080	60
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag	7140	65

DE 102 19 203 A 1

cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
 5 ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260
 aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320
 10 ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcggtt cgggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380
 cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tctcggcgc acttaatat 7440
 15 tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggtcggggcg 7500
 20 acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcattc ctgccgtctc gctaggtagc 7560
 ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcggaa ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620
 25 gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtccggcgtc cagcgggcct ggcggggggcg 7680
 30 gtttccatgg cggtcggaa cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740
 acctttaccg cctggcaact ggcgcccgga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800
 35 tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860
 40 ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tgggtccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920
 acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccgggggatg 7980
 45 catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggtg agcaatggat 8040
 50 aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100
 cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160
 55 cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220
 60 tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
 65 tcatccgtgt ttcaaaccgc gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340

DE 102 19 203 A 1

gagcaaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct	8400	
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctggt ggctggctgg	8460	5
tggcaggata tatttggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg	8520	
gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat	8580	10
tgcccttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca	8640	15
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa	8700	
agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttg aacaagagtc cactattaaa	8760	20
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg	8820	25
tgaaccatca ccctaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa	8880	
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaaacg tggcgagaaa	8940	30
ggaaggggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc	9000	35
gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc	9060	
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagt	9120	40
aatataattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataattt attgataaaa taacaagtca	9180	45
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt	9240	
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta	9300	50
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct	9360	55
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa	9420	
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct	9480	60
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg	9540	65

DE 102 19 203 A 1

ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600

5 tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660

agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720

10 gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttgggtggc gaatgggcag 9780

15 gtagccggat caagcgtatg cagccgccc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840

gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900

20 tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960

25 agccacgata gccgcgctgc ctgcctcctg agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020

ttgacaaaaa gaaccgggcg ccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080

30 ccgattgtct gttgtgcca gtcatacgcc aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140

35 cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gcctcgact agagtcgaga 10200

tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgct 10260

40 agtggagcat tttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgacctagg cgacttttga 10320

45 acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380

tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaacgg cttgtcccgc 10440

50 gtcacggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcacgatc ttgatccct 10500

55 gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560

cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620

60 gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctcttg cgcttgctt 10680

65 ttcccttgct cagatagccc agtagctgac attcatccg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740

DE 102 19 203 A 1

actggctttc tacgtgttcc gtttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgcca	10800	
gcgtgaagct tgcattgcctg caggctcgacg gcgcgcccag ctcctcgagc aaatttacac	10860	5
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta	10920	
tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacaccttt tatgctaacg	10980	10
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct	11040	15
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgc aatatttcta ctataggaga	11100	
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat	11160	20
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga	11220	25
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt	11280	
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt	11340	30
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat	11400	35
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga	11460	
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat	11520	40
agccagccca ccgcggtggg cgcccgctg cagtctagaa ggctcctgc tttaatgaga	11580	45
tatgcgagac gcctatgac gcattgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa	11640	
aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgcggttt cggttcattc taatgaatat	11700	50
atcacccgtt actatcgtat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc	11760	55
gtcgagcaaa tttacacatt gccactaaac gtctaaacc ttgtaatttg tttttgtttt	11820	
actatgtgtg ttatgtattt gatttgcat aaatttttat atttggtact aaatttataa	11880	60
caccttttat gctaacgttt gccaacactt agcaatttgc aagttgatta attgattcta	11940	65

DE 102 19 203 A 1

aattattttt gtcttctaaa tacatatact aatcaactgg aaatgtaaatt atttgctaatt 12000
 5 atttctacta taggagaatt aaagtgagtg aatatggtac cacaagggtt ggagatttaa 12060
 ttgttgcaat gctgcatgga tggcatatac accaaacatt caataattct tgaggataat 12120
 10 aatggtacca cacaagattt gaggtgcatg aacgtcacgt ggacaaaagg tttagtaatt 12180
 15 tttcaagaca acaatgttac cacacacaag ttttgaggtg catgcatgga tgccctgtgg 12240
 aaagtttaaa aatatttttg aaatgatttg catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300
 20 cacttgagg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcatgt 12360
 25 agtctatata atgaggattt tgcaatactt tcattcatac aactcacta agttttacac 12420
 gattataatt tcttcatagc cagcggatcc gatatcgggc ccgctagcgt taaccctgct 12480
 30 ttaatgagat atgagagacg cctatgatcg catgatattt gctttcaatt ctgttggtgca 12540
 35 cgttgtaaaa aacctgagca tgtgtagctc agatccttac cgcgggttc gggttcattct 12600
 aatgaatata tcaccggtta ctatcgtatt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660
 40 tgattgtccg tcgacgaatt cgagctcggc ggcctctag aggatcgatg aattcagatc 12720
 45 ggctgagtg ctccttcaac gttgcgggtc tgtcagttcc aaacgtaaaa cggcttggtcc 12780
 cgcgtcatcg gcgggggtca taacgtgact cccttaattc tccgctcatg atcagattgt 12840
 50 cgtttcccg cttcagttta aactatcagt gtttgacagg atatattggc gggtaaacct 12900
 55 aagagaaaag agcgtttatt agaataatcg gatatttaaa agggcgtgaa aaggtttatc 12960
 ctctgtccat ttgtatgtgc atgccaacca cagggttccc ca 13002
 60
 <210> 42
 <211> 13905
 65 <212> DNA

DE 102 19 203 A 1

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit drei
Promotor-Terminator-Expressionskassetten

<400> 42

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc	60	
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcac acagcgccag cagaatgccca	120	15
tagtggggcg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc	180	20
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt	240	
atgttggggt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga	300	25
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca	360	30
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg	420	
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt ggggggttcag cagccggcgc	480	35
tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg	540	40
cggagaaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg	600	
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg	660	45
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgttctctct	720	50
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacggcg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca	780	
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca	840	55
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag	900	60
ccggtccgga cgcagcgctc gagcaggggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa	960	
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc	1020	65

DE 102 19 203 A 1

tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080
 5 ccaccgcgtc agacgcccgt agcagccgcg tacgggcttt ttcattgcct gccctagcgt 1140
 ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccgccttc tggcgctctt ccgcttcttc 1200
 10 gctcactgac tcgctgcgct cggctcgttc gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260
 15 ggccgtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320
 aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgcttt tccataggct 1380
 20 ccgccccctt gacgagcatc aaaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
 25 aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500
 gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560
 30 ccgctgcata acctgtctt cgggtcatta tagcgatttt ttccgtatat ccatcctttt 1620
 35 tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttctgttaga ctttcttgg tgtatccaac 1680
 ggctcagcc ggccagcata ggtgaagtag gccaccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740
 40 ctgtccctta ttgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800
 45 ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
 agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
 50 agggggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgt ggccgtcggc cagggtaca 1980
 55 aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcgcat aatggcgacc 2040
 tgggcgcct ggccggcctg ctgaaactct ggctaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100
 60 tcggtgatgc cagatctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160
 65 gcaaggatcat gatgggcgtg gtccgccga ggccagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220

DE 102 19 203 A 1

aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc	2280	
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc	2340	5
gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa	2400	
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata	2460	10
cctcgcgga aacttggccc tcaactgacag atgagggggcg gacgttgaca cttgaggggc	2520	15
cgactcacc gccgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg	2580	
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcttgattt tacgcgagtt tcccacagat	2640	20
gatgtggaca agcctgggga taagtgccct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac	2700	25
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc	2760	
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt	2820	30
ccgcccgttt ttcgccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat	2880	35
aaaccttgtt ttttaaccagg gctgcgccct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg	2940	
tgccccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc	3000	40
tgcgcccctc ggccgcgaac ggctcacc caaaaatggc agcgtggca gtccttgcca	3060	45
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca	3120	
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg	3180	50
gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcatcacc gacttcattg	3240	55
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg	3300	
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag	3360	60
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag	3420	65

DE 102 19 203 A 1

ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480

5 tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540

ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600

10 tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660

15 attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720

tgtcatgcag ctccaccgat ttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780

20 gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840

25 gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900

cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cggcatagtg cgttcaccga 3960

30 atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatagc gtaaaacagc cagcgctggc 4020

35 gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080

tgcccggtg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140

40 cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200

catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260

45 ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtg ttttgccgtt 4320

50 acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380

55 agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440

tggtttcaa atcggctccg tcgatactat gttatagcc aactttgaaa acaactttga 4500

60 aaaagctggt ttctgggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560

65 cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620

DE 102 19 203 A 1

taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680	
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctgggtggg agaaaatgaa	4740	5
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg	4800	
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt	4860	10
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg	4920	15
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac	4980	
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc	5040	20
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg	5100	25
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag	5160	
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa	5220	30
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat	5280	35
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag	5340	
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaaata ttatatTTTt	5400	40
ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg	5460	45
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTgg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt	5520	
gggcaagggg tcgctggat tctgtcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga	5580	50
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa	5640	55
ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat	5700	
cccgcaagga gggTgaatga atcggaCgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat	5760	60
cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc	5820	65

DE 102 19 203 A 1

gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
 5 gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccacgggccc ccgtggagcg 5940
 ttccgctcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
 10 aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacagggtcag 6060
 15 cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
 ttccctgttc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgcaa acgacacggc 6180
 20 ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
 25 ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctcg agctgcgggc 6300
 cgacgatgac gaactgggtg ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
 30 cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggg cgatcaatgg 6420
 35 ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480
 cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
 40 ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
 45 gtttgcgtggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660
 ggcccgcagg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtacccgc tcaagctgga 6720
 50 aaccttccgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
 55 cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctgggtg gaacacgcct gggatcaatga 6840
 tgacctgggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900
 60 agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960
 65 tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020

DE 102 19 203 A 1

ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag eggccgacgt gcaggatttc 7080
 cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tggtcgggtc cgtttacgag 7140 5
 cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgttc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
 ggcgctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc 7260 10
 aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320 15
 ggggtcgcgc gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380
 cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcatcttca tctcgggcgc acttaatat 7440 20
 tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgc ggtcgcggcg 7500 25
 acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc 7560
 ccgatacgat tgatggcggc cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620 30
 gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgtcg cagcgggcct ggcgggggcg 7680 35
 gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740
 acctttaccg cctggcaact ggcgcccgga ggacttctgc tcgttcagc agcttttagtg 7800 40
 tttgatccgc caatccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860 45
 ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgc actcgaacct 7920
 acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg ggtcgcgca gccggggatg 7980 50
 catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcggg agcaatggat 8040 55
 aggggagttg atatcgtaaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttctcag 8100
 cggtttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagtgc tcaagatcga cagcctgtca 8160 60
 cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220 65

DE 102 19 203 A 1

tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
 5 tcatccgtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340
 gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400
 10 gcctgtatcg agtgggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctggt ggctgggctgg 8460
 15 tggcaggata tattgtgggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520
 gacgttttta atgtactggg gtgggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
 20 tgcccttcac cgcttgccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640
 gcaggcgaaa atcctgtttg atgggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
 25 agaataggcc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
 30 gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820
 tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880
 35 ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
 40 ggaaggggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000
 gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
 45 gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120
 50 aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180
 ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240
 55 tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
 60 tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360
 agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
 65

DE 102 19 203 A 1

tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagtct 9480	
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540	5
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600	
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660	10
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720	15
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780	
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840	20
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900	25
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960	
agccacgata gccgcgctgc ctgcctctgc agttcattca gggcacccga caggtcggtc 10020	30
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080	35
ccgattgtct gttgtgcccc gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140	
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200	40
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260	45
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgacctagg cgacttttga 10320	
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcgggc 10380	50
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaacgg cttgtcccg 10440	55
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatgac ttgatccct 10500	
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560	60
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620	65

DE 102 19 203 A 1

gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680

5 ttccttctgc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740

actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgcca 10800

10 gcgtgaagct tgcattgctg caggctgacg gcgcgccgag ctctctgagc aaatttacac 10860

15 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920

tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980

20 tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt cttaaattatt tttgtcttct 11040

aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100

25 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160

30 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220

35 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280

taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340

40 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400

aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca ttagtctat ataatgagga 11460

45 ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520

50 agccagccca ccgcggtggg cggccgctg cagtctagaa ggcctcctgc tttaatgaga 11580

tatgcgagac gcctatgac gcatgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640

55 aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgccggttt cggttcattc taatgaatat 11700

60 atcacccgtt actatcgat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760

65 gtcgagcaaa tttacacatt gccactaaac gtctaaaccc ttgtaatttg tttttgtttt 11820

DE 102 19 203 A 1

actatgtgtg ttatgtattt gatttgcgat aaatttttat atttgggtact aaattttataa 11880	
caccttttat gctaacgttt gccaacactt agcaatttgc aagttgatta attigattcta 11940	5
aattattttt gtcttctaaa tacatatact aatcaactgg aaatgtaaatt atttgctaatt 12000	
atttctacta taggagaatt aaagtgagtg aatatggtac cacaaggttt ggagatttaa 12060	10
ttgttgcaat gctgcatgga tggcatatac accaaacatt caataattct tgaggataat 12120	15
aatggtacca cacaagattt gaggtgcatg aacgtcacgt ggacaaaagg tttagtaatt 12180	
tttcaagaca acaatgttac cacacacaag ttttgaggtg catgcatgga tgccctgtgg 12240	20
aaagtttaaa aatatttttg aaatgatttg catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300	25
cacttgagg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcatgt 12360	
agtctatata atgaggattt tgcaatactt tcattcatac acactcacta agttttacac 12420	30
gattataatt tcttcatagc cagcggatcc gatatcgggc ccgctagcgt taaccctgct 12480	35
ttaatgagat atgcgagacg cctatgatcg catgatattt gctttcaatt ctgttgtgca 12540	
cgttgtaaaa aacctgagca tgtgtagctc agatccttac cgccggttc gggttcattct 12600	40
aatgaatata tcaccgtta ctatcgtatt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660	45
tgattgtccg tcgagcaaat ttacacattg ccaactaaacg tctaaaccct tgtaatttgt 12720	
ttttgtttta ctatgtgtgt tatgtatttg atttgcgata aatttttata tttgggtacta 12780	50
aattttataac accttttatg ctaacgtttg ccaacactta gcaatttgca agttgattaa 12840	55
ttgattctaa attatttttg tcttctaaat acatatacta atcaactgga aatgtaaata 12900	
tttgctaata tttctactat aggagaatta aagtgagtga atatggtacc acaaggtttg 12960	60
gagatttaatt tgttgcaatg ctgcatggat ggcatataca ccaaaccatc aataattctt 13020	65

DE 102 19 203 A 1

gaggataata atggtaccac acaagatttg aggtgcatga acgtcacgtg gacaaaaggt 13080

5 ttagtaattt ttcaagacaa caatgttacc acacacaagt ttgaggtgc atgcatggat 13140

gccctgtgga aagtttaaaa atattttgga aatgatttgc atggaagcca tgtgtaaaac 13200

10 catgacatcc acttggagga tgcaataatg aagaaaacta caaatttaca tgcaactagt 13260

15 tatgcatgta gtctatataa tgaggatttt gcaatacttt cattcataca cactcactaa 13320

gttttacacg attataattt cttcatagcc agcagatctg ccggcatcga tcccggggcca 13380

20 tggcctgctt taatgagata tgcgagacgc ctatgatcgc atgatatttg ctttcaattc 13440

25 tgttgtgcac gttgtaaaaa acctgagcat gtgtagctca gatccttacc gccggtttcg 13500

gttcattcta atgaatatat cacccgttac tatcgtattt ttatgaataa tattctccgt 13560

30 tcaatttact gattgtccgt cgacgagctc ggcgcgctc tagaggatcg atgaattcag 13620

35 atcggctgag tggctccttc aacgttgagg ttctgtcagt tccaaacgta aaacggcttg 13680

tcccgctca tcgggggggg tcataacgtg actcccttaa ttctccgctc atgatcagat 13740

40 tgtcgtttcc cgccttcagt ttaaactatc agtgtttgac aggatatatt ggcgggtaaa 13800

45 cctaagagaa aagagcgttt attagaataa tcggatatatt aaaagggcgt gaaaaggttt 13860

atccttcgct catttgatg tgcattgcca ccacagggtt cccca 13905

50

<210> 43

<211> 15430

55

<212> DNA

<213> Unknown

60

<220>

<223> pflanz. Expressionsvektor mit zwei Promotor-
Terminator-Expressionskassetten inseriert ist

65

DE 102 19 203 A 1

Physcomitrella patens Elongase und Desaturase

<220>	5
<221> CDS	
<222> (11543)..(12415)	
	10
<220>	
<221> CDS	
<222> (13313)..(14890)	15
<400> 43	
gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60	20
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcc 120	
tagtgggcg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180	25
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240	30
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300	
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360	35
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420	40
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt gggggttcag cagccggcgc 480	
tttactggca cttcaggaac aagcgggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540	45
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600	50
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660	
ccggcacgcy accgggcyga ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720	55
gcgaggcggg tttttcgcc ggggacgcc tcaatgcgt gatgacaatc agctacttca 780	60
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840	
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900	65

DE 102 19 203 A 1

ccggtccgga cgcagcggtc gagcagggac tcgcggtgat tgcgatgga ttggcgaaaa 960
 5 ggaggctcgt tgcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020
 tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080
 10 ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140
 15 ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccggccttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200
 gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260
 20 ggccgtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320
 25 aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgctg ctggcgctttt tccataggct 1380
 ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
 30 aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500
 35 gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560
 ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttccgtatat ccatcctttt 1620
 40 tcgcacgata tacaggattt tgcaaaggg ttctgttaga ctttccttgg tgtatccaac 1680
 45 ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740
 ctgtccctta ttgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800
 50 ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
 55 agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
 aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980
 60 aaatcacggg cgctgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcacac aatggcgacc 2040
 65 tgggcccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgacccgcgc acggcgcggt 2100

DE 102 19 203 A 1

tcggtgatgc cacgatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg	2160	
gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa	2220	5
aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc	2280	
		10
gacttcgagg agctgggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc	2340	
gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa	2400	15
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata	2460	
		20
cccgccgaa aacttggccc tcaactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc	2520	
cgactcacc gccgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg	2580	25
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat	2640	
		30
gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac	2700	
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggag agtgctgaca gatgaggggc	2760	35
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt	2820	
		40
ccgcccgttt ttccggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat	2880	
aaaccttgtt tttaaccagg gctgcgccct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg	2940	45
tgccccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc ccccaggggc	3000	
		50
tgcgcccctc ggccgcgaac ggctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca	3060	
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca	3120	55
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg	3180	
		60
gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg	3240	
cggggcccgc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcggtt gccgtgctcg	3300	65

DE 102 19 203 A 1

tggttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360
 5 gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
 ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
 10 tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540
 15 ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600
 tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660
 20 attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720
 25 tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
 gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
 30 gcagctttcc cttcaggcgg gattcatata gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
 35 cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
 atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
 40 gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080
 45 tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
 cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200
 50 catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260
 55 ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320
 acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
 60 agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440
 65 tggtttcaaa atcgggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500

DE 102 19 203 A 1

aaaagctgtt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt	4560	
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa	4620	5
taaatggcta aaatgagaat atcacccgaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc	4680	
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctgggtggg agaaaatgaa	4740	10
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg	4800	15
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt	4860	
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg	4920	20
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac	4980	25
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc	5040	
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg	5100	30
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag	5160	35
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa	5220	
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat	5280	40
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag	5340	45
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta	5400	
ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg	5460	50
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTgg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt	5520	55
gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga	5580	
cgccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa	5640	60
ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat	5700	65

DE 102 19 203 A 1

cccgcaagga gggatgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760
 5 cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820
 gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
 10 gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccacgggccg ccgtggagcg 5940
 15 ttgcgctcgt ctgcaacagg aggcggcagg ttggggaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
 aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060
 20 cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
 25 ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgca gcatgcca acgacacggc 6180
 ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
 30 ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300
 35 cgacgatgac gaactgggtg ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
 cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt ccatcaatgg 6420
 40 ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480
 45 cacgtccgac cgcggtgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgt tccgcgtcct 6540
 ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
 50 gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660
 ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720
 55 aaccttcgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
 60 cggcgaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggatcaatga 6840
 tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900
 65

DE 102 19 203 A 1

agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960	
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020	5
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080	
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140	10
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200	15
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggctc tcaaacagga ggacggcccc 7260	
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320	20
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcggtg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380	25
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tctcggcgc acttaatat 7440	
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgg ggtcgcggcg 7500	30
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctgccgtct gctaggtagc 7560	35
ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620	
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctg cagcgggcct ggccggggcg 7680	40
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740	45
acctttaccg cctggcaact ggccggccgga ggacttctgc tcgttcagat agcttttagtg 7800	
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860	50
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttcggg ggatctcgcg actcgaacct 7920	55
acagttgttt cttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980	
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat 8040	60
aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100	65

DE 102 19 203 A 1

cggttttata cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160
5 cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
10 tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340
15 gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400
gcctgtatcg agtgggtgatt ttgtgccgag ctgccggctg gggagctggt ggctggctgg 8460
20 tggcaggata tattgtgggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520
25 gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgcttggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640
30 gcaggcgaat atcctgtttg atgggtggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
35 agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820
40 tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgga 8880
45 ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acgggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
ggaagggaag aaagcgaaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000
50 gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa aggggggatgt gctgcaaggc 9060
55 gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180
60 ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
65

DE 102 19 203 A 1

tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggata cgtcgaagct	9360	
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa	9420	5
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct	9480	
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg	9540	10
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca	9600	15
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac	9660	
agttcggtc gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg	9720	20
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag	9780	25
gtagccgat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg	9840	
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag	9900	30
tcccttccc cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc	9960	35
agccacgata gccgcgtgc ctgcctctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc	10020	
ttgacaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag	10080	40
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa	10140	45
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga	10200	
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc	10260	50
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgacctagg cgacttttga	10320	55
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc	10380	
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaacgg cttgtcccgc	10440	60
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatgac ttgatcccct	10500	65

DE 102 19 203 A 1

ggcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560
 5 cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620
 gtctagctat cgccatgtaa gcccaactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680
 10 ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
 15 actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800
 gcgtgaagct tgcattgctg caggtcgacg gcgcgccgag ctccctcgagc aaatttacac 10860
 20 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920
 25 tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980
 tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040
 30 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100
 35 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
 40 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280
 45 taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
 50 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460
 55 ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagcattata atttcttcat 11520
 agccagccca ccgcggtgga aa atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag 11572
 60 Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu
 1 5 10
 65 ttg gat ggg aag gtc tcg cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt 11620

DE 102 19 203 A 1

Leu Asp Gly Lys Val Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe		
15 20 25		
ggg gtg gag ttg acg gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt	11668	5
Gly Val Glu Leu Thr Asp Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val		
30 35 40		10
gac agt ccc aca ccc atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att	11716	
Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile		15
45 50 55		
gtc att gga ggg ctt ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc	11764	20
Val Ile Gly Gly Leu Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg		
60 65 70		
gcc tcg gag cca ttt ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg	11812	25
Ala Ser Glu Pro Phe Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu		
75 80 85 90		30
ttc tgt ttt gcg ctc agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag	11860	
Phe Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln		35
95 100 105		
gct att acc tgg cgg tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa	11908	40
Ala Ile Thr Trp Arg Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys		
110 115 120		
cat aaa gag atg gcg att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac	11956	45
His Lys Glu Met Ala Ile Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr		
125 130 135		50
gtg gaa ttc atg gat acc gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg	12004	
Val Glu Phe Met Asp Thr Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg		55
140 145 150		
aaa ata agc ttc ctc cac gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att	12052	60
Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile		
155 160 165 170		
ggg tgg gct att gct cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct	12100	65

DE 102 19 203 A 1

Trp Trp Ala Ile Ala His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser
175 180 185

5 gcg gct ctg aac tca gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc 12148
Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe
10 190 195 200

ttg gct gcc tgc ctt cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt 12196
15 Leu Ala Ala Cys Leu Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu
205 210 215

ttt tgg ggc agg tac ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg 12244
20 Phe Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu
220 225 230

aac tta gtg cag gct tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca 12292
25 Asn Leu Val Gln Ala Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro
30 235 240 245 250

caa tgg ctg atc aag att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt 12340
35 Gln Trp Leu Ile Lys Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe
255 260 265

ctt ttc ggc aat ttt tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga 12388
40 Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly
270 275 280

aag caa aag gga gct aaa act gag tga tctagaaggc ctcttgcttt 12435
45 Lys Gln Lys Gly Ala Lys Thr Glu
50 285 290

aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg 12495

55 ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa 12555

tgaatatatc acccgttact atcgatatttt tatgaataat attctccgtt caatttactg 12615
60

attgtccgtc gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt 12675

65 ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa 12735

DE 102 19 203 A 1

tttataacac cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt	12795	
gattctaaat tatttttgtc ttctaaatac atataactaat caactggaaa tgtaaattatt	12855	5
tgctaattatt tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aaggtttggga	12915	
gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga	12975	10
ggataataat ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggttt	13035	15
agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgagggtgcat gcatggatgc	13095	
cctgtggaaa gtttaaaaat attttggaaa tgatttgcat ggaagccatg tgtaaaacca	13155	20
tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta	13215	25
tgcatgtagt ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt	13275	
tttacacgat tataatttct tcatagccag cggatcc atg gta ttc gcg ggc ggt	13330	30
	Met Val Phe Ala Gly Gly	
	295	35
gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac atc gac gtc gag cac att	13378	
Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Ile		40
300 305 310		
gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc agt tat gtg tct tca act	13426	45
Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe Ser Tyr Val Ser Ser Thr		
315 320 325		
gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa cct ttg aag cgc ctg acg	13474	50
Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln Pro Leu Lys Arg Leu Thr		
330 335 340 345		55
agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc gtg caa tgt ata tca gct	13522	
Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala Val Gln Cys Ile Ser Ala		60
350 355 360		
gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga act gcg gag gca ctc gca	13570	65

DE 102 19 203 A 1

	Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly Thr Ala Glu Ala Leu Ala	
	365	370 375
5		
	gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg tca tct cag tgg aag aag	13618
	Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg Ser Ser Gln Trp Lys Lys	
10	380	385 390
	tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta cac aac aag cca agc gat	13666
15	Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val His Asn Lys Pro Ser Asp	
	395	400 405
20	tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat gat gtt tcc aat ttt gcg	13714
	Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Phe Ala	
	410	415 420 425
25		
	gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt act tat ttt gga cga gac	13762
	Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp	
30	430	435 440
	ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca gct tct aca tgg aaa att	13810
35	Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala Ala Ser Thr Trp Lys Ile	
	445	450 455
40	ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag agg gtg gag ccg act cca	13858
	Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu Arg Val Glu Pro Thr Pro	
	460	465 470
45		
	gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga gct ctt ttc ctg agg gag	13906
	Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu	
50	475	480 485
	caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat gtt atg aag ctg ctc acg	13954
55	Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr Val Met Lys Leu Leu Thr	
	490	495 500 505
60	aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca ata ata tgt tgg agc aag	14002
	Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala Ile Ile Cys Trp Ser Lys	
	510	515 520
65		
	act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt atg atg gct ctg tgt ttc	14050

DE 102 19 203 A 1

Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys Met Met Ala Leu Cys Phe		
525	530	535
caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt ctc cac aat cag gtg ttt	14098	5
Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Phe		
540	545	550
gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg tat gtg atc ggc aac gcc	14146	
Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly Tyr Val Ile Gly Asn Ala		15
555	560	565
gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag gag aag cat aac ctt cat	14194	20
Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys Glu Lys His Asn Leu His		
570	575	580
		585
cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act tac caa cca att gat gaa	14242	25
His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr Tyr Gln Pro Ile Asp Glu		
590	595	600
		30
gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg agc aag gac ata ctg gcc	14290	
Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp Ser Lys Asp Ile Leu Ala		35
605	610	615
aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc ctc caa tac cag cat ctg	14338	40
Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile Leu Gln Tyr Gln His Leu		
620	625	630
ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt ggt agt tgg ctc ttt tgg	14386	45
Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg Gly Ser Trp Leu Phe Trp		
635	640	645
		50
agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc tca cct gtc gac agg ttg	14434	
Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu Ser Pro Val Asp Arg Leu		55
650	655	660
		665
ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac ttt tgg ttc gtc ggg aca	14482	60
Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr Phe Trp Phe Val Gly Thr		
670	675	680
gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca tta gta tgg atg gcg gtg	14530	65

DE 102 19 203 A 1

	Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Leu Val Trp Met Ala Val	
	685	690 695
5	act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc ttt gta ttt gta ctt agc	14578
	Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly Phe Val Phe Val Leu Ser	
10	700	705 710
	cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct aaa gaa ttc gtg agt gca	14626
15	His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser Lys Glu Phe Val Ser Ala	
	715	720 725
	cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga aac ata ttc aac gac tgg	14674
20	Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly Asn Ile Phe Asn Asp Trp	
	730	735 740 745
25	ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag cat cat ctt ttc cca aca	14722
	Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr	
30	750	755 760
	atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca cct aga gtg gag gtg ttc	14770
35	Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala Pro Arg Val Glu Val Phe	
	765	770 775
	tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac gta tct att gct acc ggc	14818
40	Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Ile Ala Thr Gly	
	780	785 790
45	act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa gtc gcg gag gct gcg gca	14866
	Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu Val Ala Glu Ala Ala Ala	
50	795	800 805
	gag cag cat gct acc acc agt taa gctagcgtta accctgcttt aatgagatat	14920
55	Glu Gln His Ala Thr Thr Ser	
	810	815
60	gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa	14980
	cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa tgaatatatc	15040
65	accggttact atcgtatttt tatgaataat attctccggt caatttactg attgtccgtc	15100

DE 102 19 203 A 1

gacgaattcg agctcggcgc gcctctagag gatcgatgaa ttcagatcgg ctgagtggct 15160
 ccttcaacgt tgcggttctg tcagttccaa acgtaaaacg gcttgctccg cgtcatcggc 15220
 gggggtcata acgtgaactcc cttaattctc cgctcatgat cagattgtcg tttcccgct 15280
 tcagtttaaa ctatcagtgt ttgacaggat atattggcgg gtaaacctaa gagaaaagag 15340
 cgtttattag aataatcgga tatttaaaag ggcgtgaaaa ggtttatcct tcgtccattt 15400
 gtatgtgcat gcccaaccaca ggggttcccca 15430

<210> 44

<211> 290

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 44

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser

1 5 10 15

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp

20 25 30

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile

35 40 45

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu

50 55 60

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu

65 70 75 80

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser

85 90 95

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr

100 105 110

DE 102 19 203 A 1

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
 115 120 125

5

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
 130 135 140

10

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
 145 150 155 160

15

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
 165 170 175

20

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
 180 185 190

25

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
 195 200 205

30

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
 210 215 220

35

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
 225 230 235 240

40

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
 245 250 255

45

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
 260 265 270

50

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
 275 280 285

55

Thr Glu
 290

60

<210> 45
 <211> 525

65

DE 102 19 203 A 1

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 45

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn

1 5 10 15

5

10

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe

20 25 30

15

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln

35 40 45

20

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala

50 55 60

25

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly

65 70 75 80

30

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg

85 90 95

35

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val

100 105 110

40

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr

115 120 125

45

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser

130 135 140

50

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala

145 150 155 160

55

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu

165 170 175

60

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg

180 185 190

65

DE 102 19 203 A 1

	Ala	Leu	Phe	Leu	Arg	Glu	Gln	Leu	Phe	Lys	Ser	Ser	Lys	Leu	Tyr	Tyr
		195						200					205			
5	Val	Met	Lys	Leu	Leu	Thr	Asn	Val	Ala	Ile	Phe	Ala	Ala	Ser	Ile	Ala
		210					215					220				
10	Ile	Ile	Cys	Trp	Ser	Lys	Thr	Ile	Ser	Ala	Val	Leu	Ala	Ser	Ala	Cys
	225					230				235					240	
15	Met	Met	Ala	Leu	Cys	Phe	Gln	Gln	Cys	Gly	Trp	Leu	Ser	His	Asp	Phe
				245					250					255		
20	Leu	His	Asn	Gln	Val	Phe	Glu	Thr	Arg	Trp	Leu	Asn	Glu	Val	Val	Gly
			260						265					270		
25	Tyr	Val	Ile	Gly	Asn	Ala	Val	Leu	Gly	Phe	Ser	Thr	Gly	Trp	Trp	Lys
		275						280					285			
30	Glu	Lys	His	Asn	Leu	His	His	Ala	Ala	Pro	Asn	Glu	Cys	Asp	Gln	Thr
		290					295					300				
35	Tyr	Gln	Pro	Ile	Asp	Glu	Asp	Ile	Asp	Thr	Leu	Pro	Leu	Ile	Ala	Trp
	305					310				315					320	
40	Ser	Lys	Asp	Ile	Leu	Ala	Thr	Val	Glu	Asn	Lys	Thr	Phe	Leu	Arg	Ile
				325						330				335		
45	Leu	Gln	Tyr	Gln	His	Leu	Phe	Phe	Met	Gly	Leu	Leu	Phe	Phe	Ala	Arg
			340						345					350		
50	Gly	Ser	Trp	Leu	Phe	Trp	Ser	Trp	Arg	Tyr	Thr	Ser	Thr	Ala	Val	Leu
		355						360					365			
55	Ser	Pro	Val	Asp	Arg	Leu	Leu	Glu	Lys	Gly	Thr	Val	Leu	Phe	His	Tyr
		370					375					380				
60	Phe	Trp	Phe	Val	Gly	Thr	Ala	Cys	Tyr	Leu	Leu	Pro	Gly	Trp	Lys	Pro
	385					390					395				400	
65	Leu	Val	Trp	Met	Ala	Val	Thr	Glu	Leu	Met	Ser	Gly	Met	Leu	Leu	Gly

DE 102 19 203 A 1

405	410	415	
Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser			5
420	425	430	
Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly			10
435	440	445	
Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu			15
450	455	460	
His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala			20
465	470	475	480
Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp			25
485	490	495	
Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu			30
500	505	510	
Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser			35
515	520	525	
<210> 46			40
<211> 17752			
<212> DNA			45
<213> Unknown			
<220>			50
<223> pflanz. Expressionsvektor mit 3			
Promotor-Terminator- Expressionskassetten			
inseriert mit Physcomitrella Elongase + Desaturase			55
+ Phaeodactylum Desaturase			
<220>			60
<221> CDS			
<222> (11543)...(12415)			
<220>			65

DE 102 19 203 A 1

<221> CDS

<222> (13313) .. (14890)

5

<220>

<221> CDS

10

<222> (15791) .. (17200)

<400> 46

15

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgccca 120

20

tagtggggcgg tgacgtcgtt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180

25

ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240

atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300

30

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360

35

tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggctc 420

gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacggtt ggggggttcag cagccggcgc 480

40

tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

45

cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600

ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcatccatg 660

50

ccggcacgcg accgggacgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720

55

gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780

ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcgggcgca 840

60

ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgcgggcccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900

65

ccggtccgga cgcagcgttc gagcagggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960

DE 102 19 203 A 1

ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc	1020	
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt	1080	5
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcattgccct gccctagcgt	1140	
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccggccttc tggegetctt ccgcttcctc	1200	10
gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa	1260	15
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa	1320	
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct	1380	20
ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac	1440	25
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgcgct ctctgttcc	1500	
gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctcct tcgggaagcg tggcgctttt	1560	30
ccgctgcata acctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccctcctttt	1620	35
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac	1680	
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tcctttctca	1740	40
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg	1800	45
ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga	1860	
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa	1920	50
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca	1980	55
aatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcctc aatggcgacc	2040	
tgggcccgtt ggccggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt	2100	60
tcggtgatgc cagcatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg	2160	65

DE 102 19 203 A 1

gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220
 5 aacggccggg ggggtgcgct gattgccaaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280
 gacttcgctg agctgggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga ggccttttgc 2340
 10 gacgctcacc gggctgggtg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
 15 cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata 2460
 cctcgccgaa aacttggccc tactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc 2520
 20 cgactacccc ggccggcgct tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
 25 gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
 gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700
 30 tgacagatga ggggcgcat ccttgacact tgaggggag agtgctgaca gatgaggggc 2760
 35 gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820
 ccgccggtt ttccggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880
 40 aaacctgtt tttaaccagg gctgcgccct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
 45 tgccccccct tctgaaccc tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccagggggc 3000
 tgcgcccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060
 50 ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
 55 ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180
 gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcattg 3240
 60 cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcggtt gccgtgctcg 3300
 65 tggtcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360

DE 102 19 203 A 1

gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag	3420	
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa	3480	5
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg	3540	
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact	3600	10
tgcatggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata	3660	15
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt	3720	
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt	3780	20
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt	3840	25
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcacc catatcacca	3900	
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga	3960	30
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc	4020	35
gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac	4080	
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat	4140	40
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tggtgcccgg catccaacgc cattcatggc	4200	45
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg	4260	
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccggt	4320	50
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg	4380	55
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg	4440	
tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga	4500	60
aaaagctggt ttctggtatt taagggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt	4560	65

DE 102 19 203 A 1

cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620
 5 taaatggcta aaatgagaat atcacggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
 gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctgggtggg agaaaatgaa 4740
 10 aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
 15 gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcttg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
 gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920
 20 gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
 25 aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040
 ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100
 30 gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg atttttttaa gacggaaaag 5160
 35 cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220
 gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280
 40 gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340
 45 ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400
 ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
 50 caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt 5520
 55 gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580
 cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
 60 ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
 65 cccgcaagga gggTgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760

DE 102 19 203 A 1

cgacgcgggg tttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgctgc	5820	
gccccgcgaa accttcagc cgcgcggctc gatggctcag caagctacgg ccaagatcga	5880	5
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcgggccg ccgtggagcg	5940	
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg	6000	10
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggctcag	6060	15
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aatgcagct	6120	
ttccttgctc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgcaa acgacacggc	6180	20
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccc cgcgaggcgc tgcaaaacaa	6240	25
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc	6300	
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg	6360	30
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg	6420	35
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt	6480	
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtc ctgcaccgct tccgcgtcct	6540	40
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct	6600	45
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac	6660	
ggccccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga	6720	50
aaccttccgc tcatgtgcg gatcggattc caccgcgctg aagaagtggc gcgagcaggt	6780	55
cggcgaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctgggt gaacacgcct ggggtcaatga	6840	
tgacctgggt cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc	6900	60
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc	6960	65

DE 102 19 203 A 1

tcagtatcgc tggggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
 5 ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080
 cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140
 10 cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgctc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
 15 ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggctc tcaaacaggà ggacggcccc 7260
 aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320
 20 ggggtcgccg gtatgctgct gcggggcggtg ccggcggggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380
 cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatat 7440
 25 tcgctattct ggagcttggt gtttatttgc gtctaccgcc tgccggggcgg ggtcgcggcg 7500
 30 acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcatct ctgccgctct gctaggtagc 7560
 ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcggaa ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620
 35 gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcgggggcg 7680
 40 gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740
 acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttccagt agctttagt 7800
 45 tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860
 50 ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920
 acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980
 55 catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat 8040
 60 aggggagttg atatcgtaaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gtttctcag 8100
 65 cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160

DE 102 19 203 A 1

cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgagag ggagatgata	8220	
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgagaga	8280	5
tcattccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat	8340	
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct	8400	10
gcctgtatcg agtgggtgatt ttgtgccgag ctgccggctg gggagctggt ggctggctgg	8460	15
tggcaggata tattgtgggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgag	8520	
gacgttttta atgtactggg gtggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat	8580	20
tgcccttcac cgctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca	8640	25
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa	8700	
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa	8760	30
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg	8820	35
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgga	8880	
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa	8940	40
ggaaggggag aaagcgaaag gagcggggcg cattcagggt gcgcaactgt tgggaagggc	9000	45
gatcgggtgag ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc	9060	
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagt	9120	50
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaatattt attgataaaa taacaagtca	9180	55
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt	9240	
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcatatta	9300	60
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct	9360	65

DE 102 19 203 A 1

agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
 5 tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaagctct 9480
 tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540
 10 ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
 15 tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660
 agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720
 20 gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780
 gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840
 25 gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
 30 tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgctcgtggcc 9960
 35 agccacgata gccgcgctgc ctgcctctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020
 ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
 40 ccgattgtct gttgtgccca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140
 45 cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gtcctcatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
 tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260
 50 agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgacctagg cgacttttga 10320
 55 acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380
 tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440
 60 gtcacggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcacatgac ttgatccct 10500
 65 gcgcatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560

DE 102 19 203 A 1

cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcccc 10620	
gtctagctat cgccatgtaa gcccaactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggtt 10680	5
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740	
actggctttc tacgtgttcc gtttcttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgcca 10800	10
gcgtgaagct tgcattgctg caggctgacg gcgcgcccag ctctctgagc aaatttacac 10860	15
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920	
tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980	20
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040	25
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100	
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160	30
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220	35
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280	
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340	40
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400	45
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460	
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520	50
agccagccca ccgcggtgga aa atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag 11572	55
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu	
1 5 10	
ttg gat ggg aag gtc tgc cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt 11620	60
Leu Asp Gly Lys Val Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe	
15 20 25	
	65

DE 102 19 203 A 1

5	ggg gtg gag ttg acg gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt	11668
	Gly Val Glu Leu Thr Asp Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val	
	30 35 40	
10	gac agt ccc aca ccc atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att	11716
	Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile	
	45 50 55	
15	gtc att gga ggg ctt ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc	11764
	Val Ile Gly Gly Leu Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg	
	60 65 70	
20	gcc tcg gag cca ttt ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg	11812
	Ala Ser Glu Pro Phe Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu	
25	75 80 85 90	
30	ttc tgt ttt gcg ctc agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag	11860
	Phe Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln	
	95 100 105	
35	gct att acc tgg cgg tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa	11908
	Ala Ile Thr Trp Arg Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys	
	110 115 120	
40	cat aaa gag atg gcg att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac	11956
	His Lys Glu Met Ala Ile Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr	
45	125 130 135	
50	gtg gaa ttc atg gat acc gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg	12004
	Val Glu Phe Met Asp Thr Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg	
	140 145 150	
55	caa ata agc ttc ctc cac gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att	12052
	Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile	
	155 160 165 170	
60	tgg tgg gct att gct cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct	12100
	Trp Trp Ala Ile Ala His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser	
	175 180 185	
65		

DE 102 19 203 A 1

gcg gct ctg aac tca gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc	12148	
Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe		
190 195 200		5
ttg gct gcc tgc ctt cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt	12196	
Leu Ala Ala Cys Leu Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu		10
205 210 215		
ttt tgg ggc agg tac ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg	12244	15
Phe Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu		
220 225 230		
aac tta gtg cag gct tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca	12292	20
Asn Leu Val Gln Ala Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro		
235 240 245 250		25
caa tgg ctg atc aag att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt	12340	
Gln Trp Leu Ile Lys Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe		30
255 260 265		
ctt ttc ggc aat ttt tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga	12388	35
Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly		
270 275 280		
aag caa aag gga gct aaa act gag tga tctagaaggc ctctgcttt	12435	40
Lys Gln Lys Gly Ala Lys Thr Glu		
285 290		45
aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg	12495	
ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa	12555	50
tgaatatatc acccgttact atcgtatttt tatgaataat attctccggt caatttactg	12615	55
attgtccgtc gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt	12675	
ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa	12735	60
tttataacac cttttatgct aacgtttggc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt	12795	65

DE 102 19 203 A 1

gattctaaat tatttttgtc ttctaaatac atatacta at caactggaaa tgtaaataatt 12855

5 tgctaataatt tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aaggtttgga 12915

gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga 12975

10 ggataataat ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt 13035

15 agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc 13095

cctgtggaaa gtttaaaaat attttgaaa tgatttgc at ggaagccatg tgtaaaacca 13155

20 tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta 13215

25 tgcatgtagt ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt 13275

tttacacgat tataatttct tcatagccag cggatcc atg gta ttc gcg ggc ggt 13330

30 Met Val Phe Ala Gly Gly
295

35 gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac atc gac gtc gag cac att 13378

Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Ile

300 305 310

40 gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc agt tat gtg tct tca act 13426

Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe Ser Tyr Val Ser Ser Thr

315 320 325

45 gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa cct ttg aag cgc ctg acg 13474

Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln Pro Leu Lys Arg Leu Thr

330 335 340 345

50 agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc gtg caa tgt ata tca gct 13522

Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala Val Gln Cys Ile Ser Ala

350 355 360

60 gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga act gcg gag gca ctc gca 13570

Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly Thr Ala Glu Ala Leu Ala

365 370 375

65

DE 102 19 203 A 1

gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg tca tct cag tgg aag aag	13618	
Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg Ser Ser Gln Trp Lys Lys		
380 385 390		5
tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta cac aac aag cca agc gat	13666	
Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val His Asn Lys Pro Ser Asp		10
395 400 405		
tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat gat gtt tcc aat ttt gcg	13714	15
Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Phe Ala		
410 415 420 425		
gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt act tat ttt gga cga gac	13762	20
Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp		
430 435 440		25
ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca gct tct aca tgg aaa att	13810	
Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala Ala Ser Thr Trp Lys Ile		30
445 450 455		
ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag agg gtg gag ccg act cca	13858	35
Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu Arg Val Glu Pro Thr Pro		
460 465 470		
gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga gct ctt ttc ctg agg gag	13906	40
Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu		
475 480 485		45
caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat gtt atg aag ctg ctc acg	13954	
Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr Val Met Lys Leu Leu Thr		50
490 495 500 505		
aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca ata ata tgt tgg agc aag	14002	55
Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala Ile Ile Cys Trp Ser Lys		
510 515 520		
act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt atg atg gct ctg tgt ttc	14050	60
Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys Met Met Ala Leu Cys Phe		
525 530 535		65

DE 102 19 203 A 1

5 caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt ctc cac aat cag gtg ttt 14098
 Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Phe
 540 545 550

10 gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg tat gtg atc ggc aac gcc 14146
 Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly Tyr Val Ile Gly Asn Ala
 555 560 565

15 gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag gag aag cat aac ctt cat 14194
 Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys Glu Lys His Asn Leu His
 570 575 580 585

20 cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act tac caa cca att gat gaa 14242
 His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr Tyr Gln Pro Ile Asp Glu
 590 595 600

25 gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg agc aag gac ata ctg gcc 14290
 Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp Ser Lys Asp Ile Leu Ala
 605 610 615

30 aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc ctc caa tac cag cat ctg 14338
 Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile Leu Gln Tyr Gln His Leu
 620 625 630

35 ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt ggt agt tgg ctc ttt tgg 14386
 Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg Gly Ser Trp Leu Phe Trp
 635 640 645

40 agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc tca cct gtc gac agg ttg 14434
 Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu Ser Pro Val Asp Arg Leu
 650 655 660 665

45 ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac ttt tgg ttc gtc ggg aca 14482
 Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr Phe Trp Phe Val Gly Thr
 670 675 680

50 gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca tta gta tgg atg gcg gtg 14530
 Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Leu Val Trp Met Ala Val
 685 690 695

55

60

65

DE 102 19 203 A 1

act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc ttt gta ttt gta ctt agc	14578	
Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly Phe Val Phe Val Leu Ser		
700 705 710		5
 cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct aaa gaa ttc gtg agt gca	14626	
His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser Lys Glu Phe Val Ser Ala		10
715 720 725		
 cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga aac ata ttc aac gac tgg	14674	15
Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly Asn Ile Phe Asn Asp Trp		
730 735 740 745		
 ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag cat cat ctt ttc cca aca	14722	20
Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr		
750 755 760		25
 atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca cct aga gtg gag gtg ttc	14770	
Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala Pro Arg Val Glu Val Phe		30
765 770 775		
 tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac gta tct att gct acc ggc	14818	35
Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Ile Ala Thr Gly		
780 785 790		
 act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa gtc gcg gag gct gcg gca	14866	40
Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu Val Ala Glu Ala Ala Ala		
795 800 805		45
 gag cag cat gct acc acc agt taa gctagcgtaa accctgcttt aatgagatat	14920	
Glu Gln His Ala Thr Thr Ser		50
810 815		
 gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa	14980	55
cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa tgaatatatc	15040	
accggttact atcgtatttt tatgaataat attctccggt caatttactg attgtccgtc	15100	60
gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt ttgttttact	15160	65

DE 102 19 203 A 1

atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tggactaaa tttataacac 15220
 5 cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt gattctaaat 15280
 tatttttgtc ttctaaatac atatactaata caactggaaa tgtaaataatt tgctaataatt 15340
 10 tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aaggtttggg gatttaattg 15400
 15 ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga ggataataat 15460
 ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt agtaattttt 15520
 20 caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc cctgtggaaa 15580
 25 gtttaaaaat attttggaaa tgatttgcac ggaagccatg tgtaaaacca tgacatccac 15640
 ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta tgcatttagt 15700
 30 ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt tttacacgat 15760
 35 tataatttct tcatagccag cagatctaaa atg gct ccg gat gcg gat aag ctt 15814
 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu
 820 825
 40 cga caa cgc cag acg act gcg gta gcg aag cac aat gct gct acc ata 15862
 Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile
 830 835 840
 45 tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa 15910
 Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu
 50 845 850 855
 55 gtc tgc atc gac gga atc atc tat gac ctc caa tca ttc gat cat ccc 15958
 Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro
 860 865 870
 60 ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt ggt ggc aac gat gtc act gta cag 16006
 Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln
 875 880 885
 65

DE 102 19 203 A 1

tac aag atg att cac ccg tac cat acc gag aag cat ttg gaa aag atg	16054	
Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met		
890 895 900 905		5
aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat	16102	
Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp		10
910 915 920		
acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa cga gaa gtc ttc aag att gtg cga	16150	15
Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg		
925 930 935		
cga ggc aag gat ttc ggt act ttg gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc	16198	20
Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys		
940 945 950		25
tac att gcc att ttc ttc tac ctg cag tac cat tgg gtc acc acg gga	16246	
Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly		30
955 960 965		
acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc tac gga atc tcc caa gcg atg att	16294	35
Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile		
970 975 980 985		
ggc atg aat gtc cag cac gat gcc aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt	16342	40
Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg		
990 995 1000		45
ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt	16390	
Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly		50
1005 1010 1015		
tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa cac tgg acc cac cac gct tac acc	16438	55
Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln His Trp Thr His His Ala Tyr Thr		
1020 1025 1030		
aat cac gcc gag atg gat ccc gat agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc	16486	60
Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu		
1035 1040 1045		65

DE 102 19 203 A 1

	cta ttc aac gac tat ccc ttg gat cat ccc gct cgt acc tgg cta cat	16534
	Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His	
5	1050 1055 1060 1065	
	cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg	16582
10	Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu	
	1070 1075 1080	
15	tcc gct gtc ttc aat cca caa att ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca	16630
	Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala	
	1085 1090 1095	
20	ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac aac gct ttc att cac tcg cga cgc	16678
	Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg	
25	1100 1105 1110	
	aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct gtg tac att gcg gtg aac gtg att	16726
30	Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile	
	1115 1120 1125	
35	gct ccg ttt tac aca aac tcc ggc ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt	16774
	Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe	
	1130 1135 1140 1145	
40	gga aac atc atg ctc atg ggt gtg gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc	16822
	Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val	
45	1150 1155 1160	
	ctg ttt tcg ttg tcg cac aat ttc gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc	16870
50	Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr	
	1165 1170 1175	
55	gcc cca ctg aaa aag acg gga gaa cca gtc gac tgg ttc aag aca cag	16918
	Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln	
	1180 1185 1190	
60	gtc gaa act tcc tgc act tac ggt gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg	16966
	Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr	
65	1195 1200 1205	

DE 102 19 203 A 1

gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa cac cac ttg ttc cca cgc atg agc 17014
Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu His His Leu Phe Pro Arg Met Ser
1210 1215 1220 1225

```

agc gct tgg tat ccc tac att gcc ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc    17062
Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala
          1230                1235                1240

```

aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac tac ccg tgg atc cac caa aac ttt 17110
Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe
1245 1250 1255

ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg 17158
Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp
1260 1265 1270

cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc ttg acc gga cgg gcg taa 17200
Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro Leu Thr Gly Arg Ala
1275 1280 1285

agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 17260

tgatcgcacg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt gtaaaaaacc tgagcatgtg 17320

tagctcagat ccttaccgcc ggtttcggtt cattctaattg aatatatcac ccggttactat 17380

cgtatTTTTta tgaataatat tctccgTtca atttactgat tgtccgTcga cgagctcggc 17440

gcgccctctag aggatcgatg aattcagatc ggctgagtgg ctccttcaac gttgcggttc 17500

tgtcagttcc aaacgtaaaa cggcttgtcc cgcgatcatcg gcgggggtca taacgtgact 17560

cccttaattc tccgctcatg atcagattgt cgtttcccg cttcagttta aactatcagt 17620

gtttgacagg atatattggc gggtaaacct aagagaaaag agcgtttatt agaataatcg 17680

gatatttaaa agggcgtgaa aaggtttatc cttcgtccat ttgtatgtgc atgccaaacca 17740

cagggttccc ca 17752

DE 102 19 203 A 1

<210> 47

<211> 290

5 <212> PRT

<213> Unknown

10 <400> 47

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
1 5 10 15

15

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
20 25 30

20

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
35 40 45

25

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
50 55 60

30

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
65 70 75 80

35

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
85 90 95

40

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
100 105 110

45

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
115 120 125

50

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
130 135 140

55

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
145 150 155 160

60

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
165 170 175

65

DE 102 19 203 A 1

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
180 185 190

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
195 200 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
210 215 220

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
225 230 235 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
245 250 255

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
260 265 270

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
275 280 285

Thr Glu
290

<210> 48

<211> 525

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 48

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe
20 25 30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln
35 40 45

DE 102 19 203 A 1

Pro	Leu	Lys	Arg	Leu	Thr	Ser	Lys	Lys	Arg	Val	Ser	Glu	Ser	Ala	Ala	
	50					55					60					
5																
Val	Gln	Cys	Ile	Ser	Ala	Glu	Val	Gln	Arg	Asn	Ser	Ser	Thr	Gln	Gly	
	65				70				75						80	
10																
Thr	Ala	Glu	Ala	Leu	Ala	Glu	Ser	Val	Val	Lys	Pro	Thr	Arg	Arg	Arg	
				85					90					95		
15																
Ser	Ser	Gln	Trp	Lys	Lys	Ser	Thr	His	Pro	Leu	Ser	Glu	Val	Ala	Val	
			100					105					110			
20																
His	Asn	Lys	Pro	Ser	Asp	Cys	Trp	Ile	Val	Val	Lys	Asn	Lys	Val	Tyr	
		115					120					125				
25																
Asp	Val	Ser	Asn	Phe	Ala	Asp	Glu	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Ile	Ser	
	130					135					140					
30																
Thr	Tyr	Phe	Gly	Arg	Asp	Gly	Thr	Asp	Val	Phe	Ser	Ser	Phe	His	Ala	
	145				150					155					160	
35																
Ala	Ser	Thr	Trp	Lys	Ile	Leu	Gln	Asp	Phe	Tyr	Ile	Gly	Asp	Val	Glu	
				165					170					175		
40																
Arg	Val	Glu	Pro	Thr	Pro	Glu	Leu	Leu	Lys	Asp	Phe	Arg	Glu	Met	Arg	
			180					185					190			
45																
Ala	Leu	Phe	Leu	Arg	Glu	Gln	Leu	Phe	Lys	Ser	Ser	Lys	Leu	Tyr	Tyr	
		195					200					205				
50																
Val	Met	Lys	Leu	Leu	Thr	Asn	Val	Ala	Ile	Phe	Ala	Ala	Ser	Ile	Ala	
	210					215					220					
55																
Ile	Ile	Cys	Trp	Ser	Lys	Thr	Ile	Ser	Ala	Val	Leu	Ala	Ser	Ala	Cys	
	225				230					235					240	
60																
Met	Met	Ala	Leu	Cys	Phe	Gln	Gln	Cys	Gly	Trp	Leu	Ser	His	Asp	Phe	
				245					250					255		
65																
Leu	His	Asn	Gln	Val	Phe	Glu	Thr	Arg	Trp	Leu	Asn	Glu	Val	Val	Gly	

DE 102 19 203 A 1

260	265	270	
Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys			5
275	280	285	
Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr			10
290	295	300	
Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp			15
305	310	315	320
Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile			20
325	330	335	
Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg			25
340	345	350	
Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu			30
355	360	365	
Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr			35
370	375	380	
Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro			40
385	390	395	400
Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly			45
405	410	415	
Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser			50
420	425	430	
Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly			55
435	440	445	
Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu			60
450	455	460	
His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala			65
465	470	475	480

DE 102 19 203 A 1

Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp
485 490 495

5
Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu
500 505 510

10
Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
515 520 525

15
<210> 49
20 <211> 469
<212> PRT
<213> Unknown

25
<400> 49
Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
30 1 5 10 15

Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
35 20 25 30

Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
40 35 40 45

Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
45 50 55 60

Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His
50 65 70 75 80

Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp
55 85 90 95

Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys
60 100 105 110

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu
65 115 120 125

DE 102 19 203 A 1

Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu
130 135 140

Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala
145 150 155 160

Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala
165 170 175

Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly
180 185 190

Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln
195 200 205

His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp
210 215 220

Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp
225 230 235 240

His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met
245 250 255

Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile
260 265 270

Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp
275 280 285

Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala
290 295 300

Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly
305 310 315 320

Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val
325 330 335

DE 102 19 203 A 1

Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe
340 345 350

5

Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu
355 360 365

10

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly
370 375 380

15

Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu
385 390 395 400

20

His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala
405 410 415

25

Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr
420 425 430

30

Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His
435 440 445

35

Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro
450 455 460

40

Leu Thr Gly Arg Ala
465

45

<210> 50

<211> 26

50

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

55

<220>

<223> Polylinker

60

<400> 50

gaattcggcg cgccgagctc ctcgag

26

65

DE 102 19 203 A 1

<210> 51
 <211> 265
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Polylinker-Terminator-Polylinker

<400> 51
 ccaccgcggt gggcggccgc ctgcagtcta gaaggcctcc tgctttaatg agatatgcga 60
 gacgcctatg atcgcatgat atttgctttc aattctgttg tgcacgttgt aaaaaacctg 120
 agcatgtgta gctcagatcc ttaccgccgg ttccggttca ttctaataa tatatcacc 180
 gttactatcg tatttttatg aataatattc tccgttcaat ttactgattg tccgtcgacg 240
 aattcgagct cggcgcgcca agctt 265

<210> 52
 <211> 257
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Polylinker-Terminator-Polylinker

<400> 52
 ggatccgata tcgggccgc tagcgtaa cctgcttta tgagatatgc gagacgccta 60
 tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc tgagcatgtg 120
 tagctcagat ccttaccgcc ggtttcggtt cattctaata aatatcac cgttactat 180
 cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgaattcgag 240
 ctccggcgc caagctt 257

<210> 53

<211> 257

5 <212> DNA

<213> Artificial Sequence

10 <220>

<223> Polylinker-Terminator-Polylinker

15 <400> 53

agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 60

20 tgatcgcgatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc tgagcatgtg 120

tagctcagat ccttaccgcc ggtttcgggtt cattctaattg aatatatcac ccgttactat 180

25

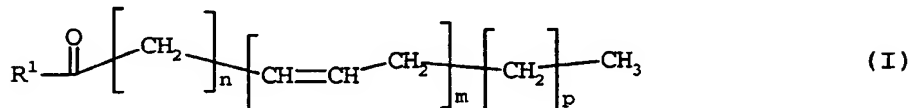
cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgcccgtcga cgaattcgag 240

30 ctcggcgcgcg caagctt

257

Patentansprüche

35 1. Verfahren zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I:



40

in transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren **dadurch gekennzeichnet**, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:

45

- Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in eine Pflanze, die für ein Polypeptid mit einer Δ -6-Desaturaseaktivität codiert; sowie
- Einbringen mindestens einer zweiten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer Δ -6-Elongaseaktivität codiert; und
- gegebenenfalls Einbringen einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer Δ -5-Desaturaseaktivität codiert; und
- anschließend kultivieren und ernten der Pflanzen; und

50

wobei die Variablen und Substituenten in der Formeln I folgende Bedeutung haben:

$R^1 = -OH$, Coenzym A-(Thioester), Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycosingolipid- oder einen Rest der folgenden allgemeinen Formel II

55



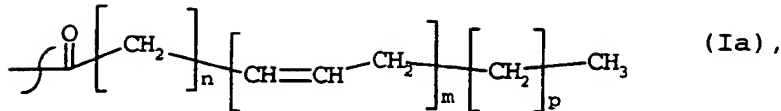
60

$R^2 = H$, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Shingolipid-, Glycosingolipid-, Glycosingolipid- oder gesättigtes oder ungesättigtes C_2 - C_{24} -Alkylcarbonyl-,

65

$R^3 = H$, gesättigtes oder ungesättigtes C_2 - C_{24} -Alkylcarbonyl-, oder

R^2 und R^3 unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia



$n = 3, 4$ oder 6 , $m = 3, 4$ oder 5 und $p = 0$ oder 3 .

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass die Substituenten R^2 und R^3 unabhängig voneinander C_{10} - C_{22} -Alkylcarbonyl- bedeuten.

3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, dass die Substituenten R^2 und R^3 unabhängig voneinander C_{16} -, C_{18} -, C_{20} - oder C_{22} -Alkylcarbonyl- bedeuten.

4. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Substituenten R^2 und R^3 unabhängig voneinander ungesättigtes C_{16} -, C_{18} -, C_{20} - oder C_{22} -Alkylcarbonyl- mit ein, Zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen bedeuten.

5. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass die transgene Pflanze eine Ölfruchtpflanze ist.

6. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet, dass die transgene Pflanze ausgewählt aus der Gruppe Soja, Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Nachtkerze, Königskerze, Distel, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer, Wildrosen, Kürbis, Pistazien, Sesam, Sonnenblume, Färberdistel, Borretsch, Mais, Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Calendula, Punicia, Ölpalme, Walnuss oder Kokosnuß ist.

7. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 6, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindungen der Formel I durch Pressen oder Extraktion aus den transgenen Pflanzen in Form ihrer Öle, Fette, Lipide oder freien Fettsäuren gewonnen werden.

8. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, dass die gemäß Anspruch 7 gewonnenen Öle, Fette, Lipide oder freien Fettsäuren raffiniert werden.

9. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, dass man die in den Verbindungen der Formel I enthaltenden gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren freisetzt.

10. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 9, dadurch gekennzeichnet, dass die gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren über ein alkalische Hydrolyse oder eine enzymatische Abspaltung freigesetzt werden.

11. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindungen der allgemeinen Formel I in den transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 5 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren enthalten sind.

12. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, dass, die für die Polypeptide mit einer Δ -6-Desaturaseaktivität, Δ -6-Elongaseaktivität oder Δ -5-Desaturaseaktivität codierenden Nukleinsäuresequenzen, ausgewählt aus der Gruppe sind:

a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Sequenz,

b) Nukleinsäuresequenzen, die aufgrund des degenerierten genetischen Codes durch Rückübersetzung der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäuresequenzen erhalten werden,

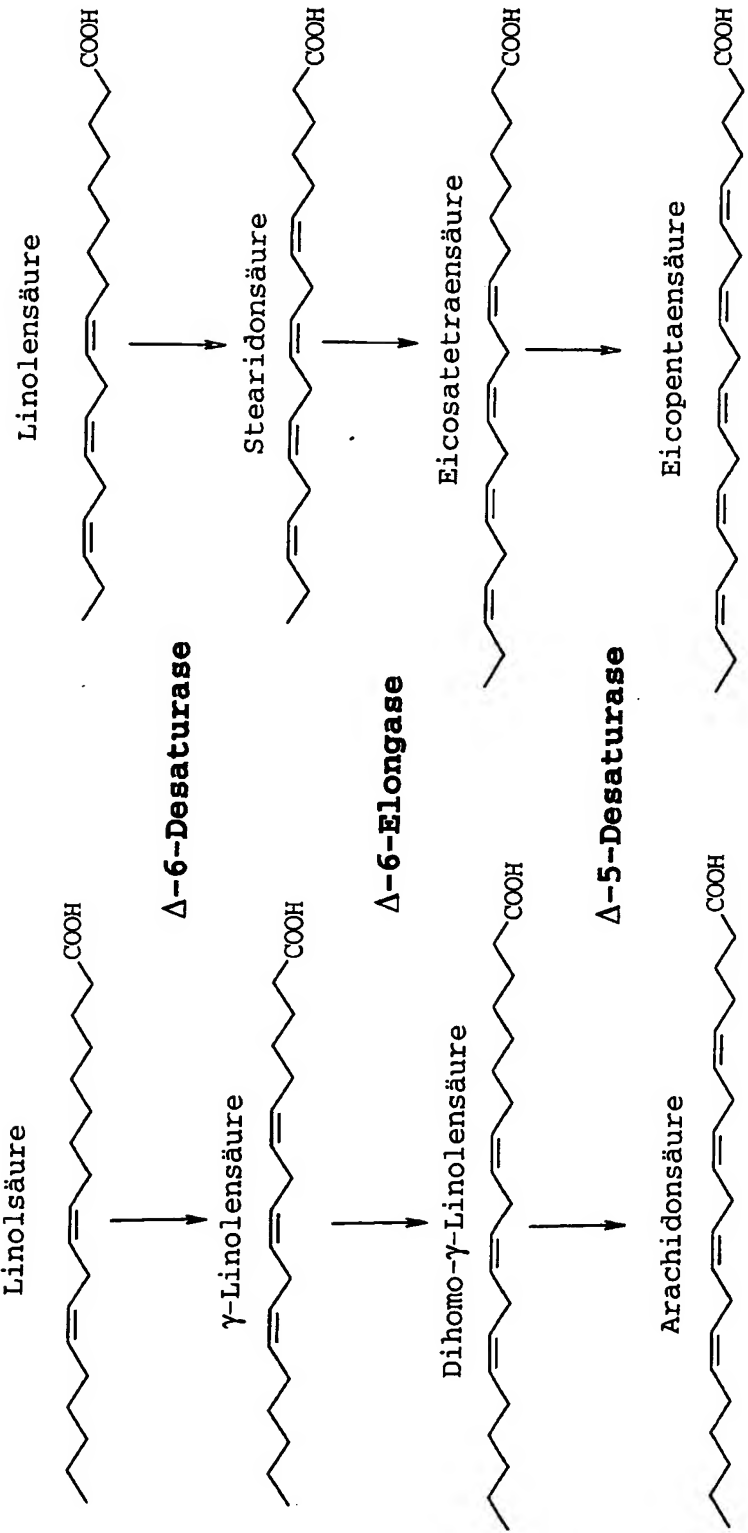
c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäuresequenzen codieren und mindestens 50% Homologie auf Aminosäureebene aufweisen, ohne daß die enzymatische Wirkung der Polypeptide wesentlich reduziert ist.

13. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 12, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäuresequenzen gemäß Anspruch 8 in einem Nukleinsäurekonstrukt mit einem oder mehreren Regulationssignalen verknüpft sind.

14. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 13, dadurch gekennzeichnet, dass das Nukleinsäurekonstrukt zusätzliche Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthält ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylasen, Lipoxxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyase(n) oder Fettsäure-Elongase(n).

Hierzu 3 Seite(n) Zeichnungen

Figur 1: Biosynthesekette



Figur 2: Fettsäureprofil von transgenen Tabaksamen

